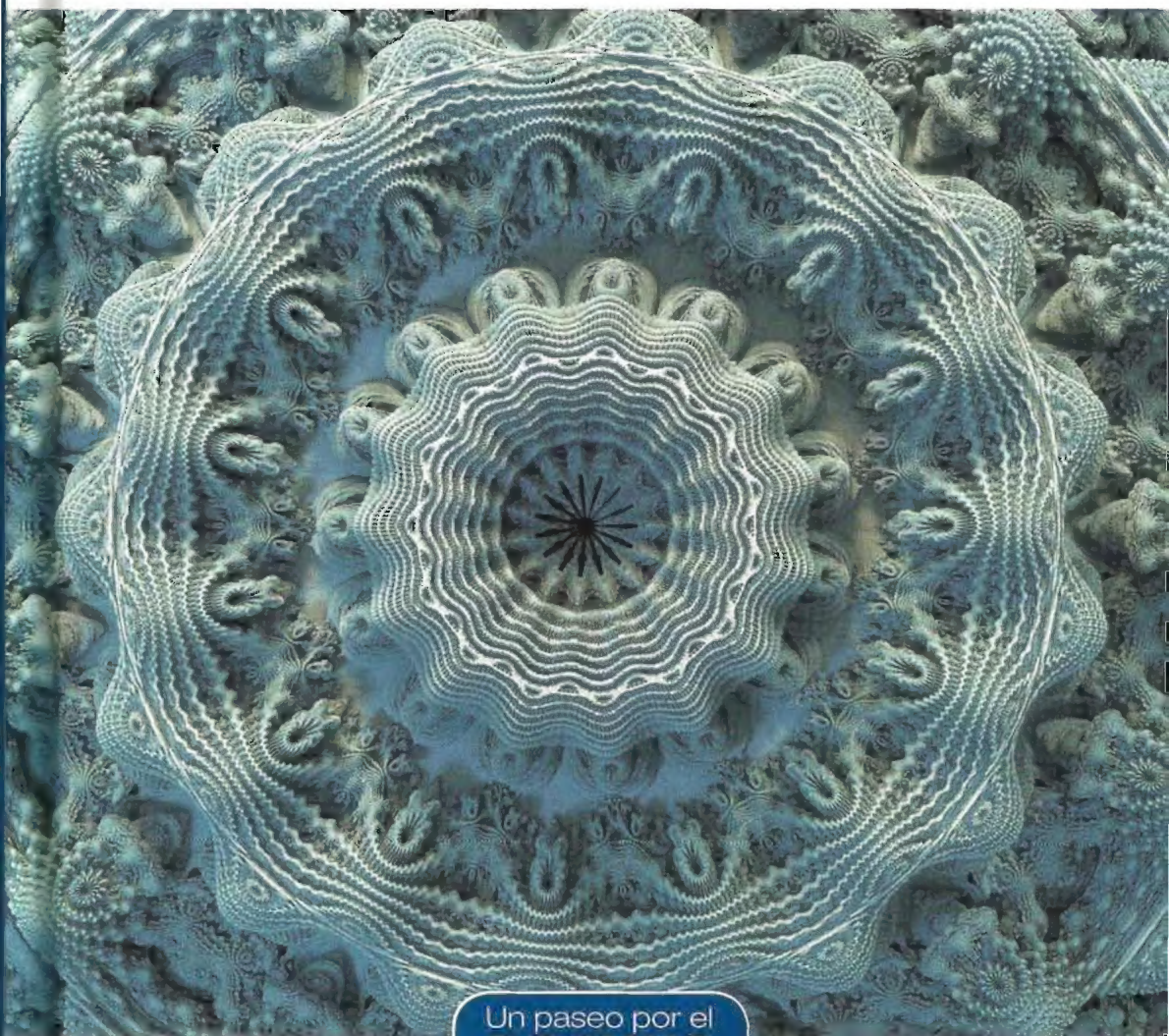


De la simplicidad a la complejidad

Propiedades emergentes
en los sistemas complejos



Un paseo por el
COSMOS

EXLIBRIS Scan Digit



The Doctor y La Comunidad

Redigitalización: The Doctor

<http://thedoctorwho1967.blogspot.com.ar/>

<http://el1900.blogspot.com.ar/>

<http://librosrevistasinteresesanexo.blogspot.com.ar/>

<https://labibliotecadeldrmoeau.blogspot.com/>

De la simplicidad a la complejidad

Propiedades emergentes
en los sistemas complejos

RBA

Imagen de cubierta: Ejemplo de fractal, elaborado mediante un proceso iterativo que da lugar a estructuras complejas partiendo de formas simples.

Dirección científica de la colección: Manuel Lozano Leyva

© Javier Macía Santamaría por el texto
© RBA Contenidos Editoriales y Audiovisuales, S.A.U.
© 2016, RBA Coleccionables, S.A.

Realización: EDITEC

Diseño cubierta: Llorenç Martí

Diseño interior: tactilestudio

Infografías: Joan Pejoan

Fotografías: Archivo RBA: 41, 53a, 63a, 67, 83, 99, 105, 115a, 115b;
Phil Banks/MRC Laboratory of Molecular Biology: 117; Ullstein
Bild/Getty Images: 116; Chris 73/Wikimedia Commons: 25b; Vincent
Deblauwe: 63b; HopsonRoad/Wikimedia Commons: 39; Jpatokal/
Wikimedia Commons: 35; Ondřej Karlík/Wikimedia Commons: portada;
NASA: 109; Yoji Okata: 53b; Oleksiy/123RF: 148-149; Jason Ondreicka/
Thinkstock: 69a; The Opte Project/Wikimedia Commons: 46;
Gareth Phillips: 70; Rgbe/Dreamstime: 69b; Rlunaro/Wikimedia
Commons: 25a; Michael Rubinstein/Harvard: 87a, 87b; Universidad
de California: 103.

Reservados todos los derechos. Ninguna parte de
esta publicación puede ser reproducida, almacenada
o transmitida por ningún medio sin permiso del editor.

ISBN: 978-84-473-8667-3

Depósito legal: B-20371-2016

Impreso y encuadernado en Rodesa, Villatuerta (Navarra)

Impreso en España - Printed in Spain

SUMARIO

INTRODUCCIÓN	7
CAPÍTULO 1	¿Qué es lo simple, lo complicado y lo complejo? 13
CAPÍTULO 2	Las redes complejas 31
CAPÍTULO 3	Morfogénesis: estructuras complejas a partir de reglas simples 49
CAPÍTULO 4	Inteligencias colectivas 73
CAPÍTULO 5	La evolución: la forma simple de crear cosas complejas 91
CAPÍTULO 6	Reprogramando la vida 111
CAPÍTULO 7	Cerebros naturales y artificiales: el paradigma de la complejidad 133
LECTURAS RECOMENDADAS	153
ÍNDICE	155

Este libro pretende ser una guía que ayude al lector a adentrarse en una nueva forma de ver la naturaleza. Quien la observa con cierta atención se da cuenta rápidamente de su extraordinaria complejidad. Aunque *a priori* no lo parezca, toda esta complejidad esta regida por unas leyes muy bien definidas, aunque generalmente ocultas a la vista del hombre. Desde el movimiento de las mareas hasta la formación de un ser vivo a partir de una célula inicial, nada está en manos del azar. El ser humano ha percibido siempre que la naturaleza está gobernada. Hemos necesitado entender el porqué de las cosas que nos rodean para saciar nuestra curiosidad, pero también para intentar tomar el control sobre el entorno en el que vivimos. Tradicionalmente, el desconocimiento del origen de las leyes que gobiernan el mundo natural nos ha llevado a creer en la existencia de un orden superior que escapa a nuestra comprensión. Una divinidad u otros conceptos semejantes han sido frecuentemente el recurso más sencillo para dar explicación a aquello que aparentemente es inexplicable y aceptar resignadamente aquello que no podemos controlar. No es casual que todas las culturas y civilizaciones, desde la antigüedad hasta la actualidad, hayan creado sus mitos

y leyendas para intentar entender el origen del mundo y su funcionamiento. Mientras estas explicaciones, más o menos vagas, han satisfecho a una parte de la población, siempre ha habido mentes inquietas que han intentado ir más allá de los velos que impiden ver la realidad. Estas mentes inquietas son las mentes de todos los científicos, famosos o anónimos, que a lo largo de los siglos han arrojado luz sobre las sombras. Vaya por delante nuestro reconocimiento a su incansable labor durante siglos.

Una de las características indispensables para explorar y describir las leyes que rigen la naturaleza es disponer de una mentalidad abierta. Esto implica asumir que ningún conocimiento es absoluto en sí mismo y que toda certeza del pasado puede ser refutada en el futuro. Y esto no es fácil. Para conseguirlo hay que romper esquemas, hay que liberarse de las cadenas del pensamiento preconcebido. Si reflexionamos sobre ello, podemos llegar a imaginar lo difícil que debió de ser concebir que el tiempo o el espacio son relativos, tal y como enunció Einstein en su famosa teoría de la relatividad. ¿Cómo podemos imaginar que el tiempo no pase igual para todos, si en el fondo una hora es una hora en todas partes? Sin duda llegar a estos conceptos debió de suponer un enorme desafío intelectual que requirió un cambio en la forma de pensar y concebir la realidad que nos rodea.

Igualmente, llegar a comprender y aceptar que la enorme complejidad de la naturaleza puede ser, en muchas ocasiones, fruto de unas leyes muy simples, tampoco parece algo muy intuitivo. En el fondo, que tengamos dificultades para entenderlo no significa que no sea sencillo. Quizá lo que hace falta es cambiar el modo de pensar.

En este libro se presentan y comentan de forma asequible algunos escenarios donde aspectos muy complejos de la naturaleza pueden ser entendidos a partir de unas reglas simples. La reacción más común ante estas explicaciones simples de fenómenos complejos suele ser de cierto escepticismo. Siempre queda en un rincón de nuestra mente la idea de que no puede ser tan fácil, que debe de haber algo más que se está obviando y que al final justifica la complejidad que se observa. En definitiva, a la mente le cuesta aceptar que lo complejo pueda ser hijo de lo

simple. ¿Dónde reside realmente el problema, en la simplicidad de la explicación o en nuestro prejuicio intelectual para aceptar esa explicación simple?

Para ello es necesario introducir al lector en un concepto fundamental: qué es un sistema complejo. Se entiende por sistema complejo no un sistema complicado, sino un sistema formado por múltiples partes que interaccionan entre sí. A consecuencia de ello emergen comportamientos o propiedades que no pueden ser explicados como la suma de las características de cada una de las partes. En otras palabras, un sistema complejo es más que la suma de sus partes. Este debe ser el punto de partida. Por ello comenzaremos estableciendo estos conceptos fundamentales y los ilustraremos mediante múltiples ejemplos que encontramos en la vida cotidiana y sobre los que, posiblemente, nunca hemos reflexionado bajo este punto de vista. Podemos decir que esas páginas son de obligatoria lectura para entender el resto del libro. No es que se pretenda desarrollar un tratado completo de los sistemas complejos, sino brindar una introducción a los mismos. ¿El objetivo? Despertar en el lector la curiosidad sobre muchas de las cosas que nos rodean y que, por habituales, no les damos la importancia que merecen. Quizá tras esta lectura comencemos a ver a las hormigas de forma diferente, o vivamos un atasco de tráfico como un interesante fenómeno dinámico autoorganizado en lugar de un suplicio.

El resto de los capítulos se pueden leer de forma desordenada, en función de la curiosidad que el lector sienta en cada momento. Intentan ser bloques independientes aunque relacionados entre sí. A través de ellos se invita al lector a dar un paseo por paisajes muy diferentes; algunos son naturales, como la evolución de las especies o la organización de los insectos sociales, y otros artificiales, como internet, la nueva biología sintética o la creación de inteligencias artificiales.

Si tras su lectura el lector consigue ver los puntos de conexión entre una colonia de hormigas e internet, el objetivo se habrá conseguido. Porque, por sorprendente o inverosímil que pueda parecer, los sistemas más dispares pueden compartir características comunes. Y esto es gracias a la universalidad de algunas

leyes físicas. Pero hay que fijarse atentamente para darse cuenta de esto.

Por otra parte, este libro también intenta ser un reconocimiento a las figuras y contribuciones de muchos científicos artífices del continuo avance del conocimiento. Lamentablemente, pocos de ellos pueden ser calificados de mediáticos. Seguramente, a la mayoría nos resulta mucho más sencillo elaborar una lista con diez cantantes o actores famosos que con diez científicos relevantes. Ciertamente esto encierra una cierta injusticia. Es por ello que a lo largo de estas páginas presentaremos las figuras de varios científicos notables. Algunos son de sobra conocidos y, probablemente, de otros ni siquiera habremos oído hablar. Es muy interesante ver que, por lo general, la vida personal de estas grandes mentes está plagada de momentos y situaciones muy singulares, como el naufragio del naturalista y explorador Alfred Wallace, al más puro estilo de las novelas de aventuras, o los trabajos del matemático Alan Turing decodificando los mensajes interceptados a los alemanes durante la Segunda Guerra Mundial. Seguramente esto no es casual. Una de las características comunes de los grandes científicos de todos los tiempos es su gran capacidad creativa, asociada a una actividad intelectual muy intensa. Debe resultar difícil mantener estas mentes encerradas en el corsé de la cotidianidad y las convenciones sociales de cada época. La mente no se puede desconectar: trabaja a jornada completa todos los días del año alimentada por la curiosidad y la inquietud. Por todo ello invitamos al lector curioso a indagar más en las vidas de los grandes científicos. Son un pozo de curiosidades, sorpresas e inspiración.

Cuando hablamos de investigación científica y avance del conocimiento hay que distinguir entre dos tipos de investigación. Por un lado tenemos la denominada investigación básica y, por otro, la investigación aplicada. Por investigación básica entendemos la ciencia que se lleva a cabo sin fines prácticos inmediatos. El objetivo es aumentar el conocimiento sobre los principios fundamentales que gobiernan la naturaleza. No obstante, no debemos caer en el error de pensar que la ciencia básica, al no arrojar beneficios inmediatos de tipo económico o social, es un

simple entretenimiento o ejercicio de curiosidad. Nada más lejos de la realidad. Esa falsa percepción es fruto de un problema de comunicación que ocurre frecuentemente entre la comunidad científica y el resto de la sociedad. Cuando alguien se pregunta por qué enviamos naves al espacio, con el coste económico que eso implica, en lugar de atender emergencias sociales más perentorias, se pone de manifiesto que algo falla a la hora de hacer pedagogía de la ciencia. Generalmente, de esta ciencia básica, tarde o temprano se derivarán aplicaciones prácticas que redundarán en un beneficio directo de la sociedad. Dicho de otro modo, la ciencia aplicada es hija de la ciencia básica. Sin la una no podría existir la otra. Gracias al avance de la carrera espacial se han inventado artículos de uso cotidiano como el horno microondas o el pañal, que surgieron cuando los científicos se enfrentaron a cuestiones tan prosaicas como el calentamiento de los alimentos en el espacio sin usar fuego, o cómo los astronautas podrían hacer sus necesidades fisiológicas estando en el exterior de la nave.

A fin de abundar en este aspecto, a lo largo del libro se presentan aplicaciones prácticas que se han generado a partir del estudio y comprensión de las leyes fundamentales, en muchas ocasiones simples, que rigen los fenómenos de la naturaleza. Estas aplicaciones surgen de la combinación de múltiples disciplinas. La biología, la física o la informática convergen en nuevas áreas de investigación. Como consecuencia, las barreras que separan las diferentes disciplinas científicas van desapareciendo a pasos agigantados. Por citar unos ejemplos, en el capítulo destinado a las denominadas inteligencias colectivas se presenta de qué modo el estudio del comportamiento de las hormigas puede ayudar a hacer más eficiente la transmisión de datos en una red de ordenadores, y en el dedicado al estudio de la evolución natural veremos cómo la comprensión de los mecanismos que rigen la evolución de las especies puede servirnos para el diseño tecnológico eficiente sin necesidad de ingenieros. Finalmente, cuando hablemos de nuestro cerebro descubriremos que, imitándolo, es posible desarrollar aplicaciones capaces de reconocer rostros o leer manuscritos. Una especial mención merecen las páginas de-

dicadas a la reprogramación de la vida, un campo de estudio que merece una obra propia. Desde que se descubrieron las leyes fundamentales que rigen la codificación de la información genética en el ADN, los científicos han aplicado este conocimiento a un nuevo campo de investigación orientado a la creación de nuevas formas de vida que nos sean útiles, ya sea para aplicaciones biomédicas, industriales o medioambientales. Se trata de la denominada biología sintética. A pesar de que aún queda mucho por descubrir, no hay duda de que el siglo XXI será testigo de una gran revolución de la tecnología de lo vivo, tal y como el siglo XX lo fue en las tecnologías de la información y comunicación. Desde la creación de electricidad a partir de cultivos bacterianos a la detección de minas antipersona por parte de plantas modificadas genéticamente, el ámbito de aplicaciones prácticas de la biología sintética no tiene más frontera que la imaginación.

Invitamos al lector a sumergirse en el fascinante mundo de la ciencia. Para ello solo hay que armarse de curiosidad. No son necesarios grandes conocimientos previos, únicamente ganas de observar y una mentalidad abierta y totalmente crítica, capaz de cuestionar todo lo que planteen estas y otras páginas, y llegado el caso, refutarlo con argumentos. No hay duda de que todos llevamos un científico en nuestro interior, no en vano a lo largo de nuestra vida no dejamos de hacernos preguntas. Como dijo Einstein, la ciencia es únicamente un refinamiento posterior del pensamiento diario. Y tal y como se explica aquí a modo de colofón, pensar y aprender modifica la configuración física de nuestro cerebro y cambia nuestras conexiones neuronales. En resumen, cuanta más actividad tiene nuestro cerebro, más potente se vuelve.

¿Qué es lo simple, lo complicado y lo complejo?

La estructura de un copo de nieve, la intrincada forma de la corteza de un árbol, el movimiento de los planetas... todo obedece al conjunto de leyes que gobiernan el universo. Pero ¿es la enorme complejidad de la naturaleza fruto de unas leyes igualmente complejas? En muchas ocasiones, la respuesta es «no».

La curiosidad, esa propiedad innata y esencial en el ser humano que nos ha permitido evolucionar hasta la actualidad, nos hace preguntarnos el porqué de todo lo que nos rodea. Sin embargo, la necesidad del hombre de comprender su entorno se ve en ocasiones restringida por el propio pensamiento humano que, a menudo, presenta unos patrones de razonamiento que pueden limitar esta comprensión. Un ejemplo frecuente es asumir de forma intuitiva que el origen de todo aquello que presenta un alto grado de complejidad debe ser también altamente complejo, o en otras palabras, que lo complejo solo puede ser hijo de algo que aún lo sea más. Por poner un ejemplo, si nos preguntamos por la complejidad del motor de un coche, intuitivamente asumimos que solo algo más intrincado que el propio motor, en este caso la mente del ingeniero, puede haber sido el responsable de su creación. Pero este modo de razonamiento no siempre es acertado. En la naturaleza existen multitud de ejemplos que demuestran lo contrario. Uno de los más impresionantes es la formación de los termiteros, el hogar donde habitan las termitas. Los termiteros son estructuras arquitectónicas de una altísima complejidad, con un diseño óptimo en muchos aspectos, como

por ejemplo los sistemas de ventilación. No obstante, no parece razonable pensar en la existencia de termitas ingenieras capaces de diseñar de forma racional estas maravillas de la arquitectura. ¿Cómo se organizan unos individuos que apenas superan los dos centímetros de longitud para levantar estructuras de hasta seis metros de altura? Parece claro que para responder a esta cuestión hay que cambiar la forma de pensar habitual... quizá sea necesario pensar como una termita.

Antes de abordar esta y otras cuestiones similares es necesario establecer una definición clara de los conceptos que se van a manejar. Se hace necesario clarificar a qué nos referimos al hablar de sistemas simples, complicados o complejos. Por un lado, según el diccionario de la Real Academia de la Lengua Española «simple» es aquello carente de complicación o dificultad. Por otro, el mismo diccionario establece una distinción entre lo que es «complicado» y lo que es «complejo». Por «complicado» entiende aquello que es de difícil comprensión, mientras que por «complejo» se refiere a todo aquello compuesto de diferentes elementos que interactúan entre sí.

De acuerdo con estas definiciones, en la naturaleza podemos encontrar sistemas complicados (de difícil comprensión) y a la vez complejos (porque están integrados por diferentes elementos que interactúan). Si conseguimos entender las leyes que los gobiernan, nos parecerán más simples. Aunque sigan siendo complejos, comprenderemos cómo funcionan.

Más formalmente, podemos definir como «sistema complejo» a todo aquel que está formado por múltiples partes interrelacionadas de tal modo que, como resultado de sus interacciones, emergen nuevas propiedades que no pueden ser explicadas simplemente como la suma de las propiedades de cada parte por separado.

Por el contrario, un sistema complicado pero no complejo también está compuesto por múltiples partes, pero las relaciones entre ellas no aportan ninguna información adicional. Nos basta con saber cómo funciona cada una de las partes para entender el funcionamiento de todo el sistema. En otras palabras, las propiedades del sistema son directamente la suma de las

propiedades de cada una de sus partes. Las relaciones que pueden haber entre las distintas partes del sistema no proporcionan nuevas propiedades.

Un ejemplo cotidiano lo encontramos en la sal común que consumimos a diario, el cloruro sódico (NaCl). Cada molécula de sal está formada por un átomo de cloro y uno de sodio. El cloro es un gas muy agresivo y altamente tóxico, mientras que el sodio es un metal muy reactivo que, en contacto con agua, reacciona liberando de forma explosiva una considerable cantidad de energía. Sin embargo, las propiedades de la sal no se derivan de las propiedades de sus componentes. De lo contrario, el simple acto de sazonar un guiso supondría una explosión de energía combinada con la formación de una nube tóxica, que haría que la profesión de cocinero debiera ser considerada de alto riesgo. En realidad, los átomos de cloro que forman la sal y el gas de cloro son idénticos, y lo mismo pasa con los átomos de sodio. La diferencia de propiedades entre el gas de cloro tóxico y la sal común se deriva de con quién se relacionan estos átomos. Cuando el cloro interacciona con otro átomo de cloro a temperatura ambiente, se forma el gas tóxico, mientras que si lo hace con uno de sodio, tenemos la sal. Vemos pues que las propiedades no son intrínsecas a sus partes (cloro y sodio) sino que surgen de la relación entre las partes.

Generalmente un sistema complejo no tiene por qué ser complicado, lo que permite estudiarlo y en muchas ocasiones encontrar mecanismos muy simples que explican el origen de su complejidad.

El inicio del estudio de los sistemas complejos requirió de un cambio en el pensamiento científico que hasta ese momento estaba dominado por el denominado «paradigma reduccionista». Esta forma de abordar la ciencia se basa en la idea de que para afrontar un problema complicado lo mejor es descomponerlo en partes lo más simples posible. En principio, estudiando cada una de estas partes se podría entender el problema en su totalidad. Hoy sabemos que esto no siempre es posible. No podemos explicar el funcionamiento de nuestro cerebro a partir del estudio del funcionamiento de una neurona aislada.

Desde sus orígenes, el estudio de los sistemas complejos ha captado la atención de algunas de las mentes científicas más brillantes. En la actualidad existen centros de investigación y laboratorios dedicados al estudio de los sistemas complejos en prácticamente todas las universidades del mundo, abarcando ámbitos de estudio tan heterogéneos como la formación de patrones espaciales en las conchas de moluscos o los ciclos económicos de los mercados financieros. El carácter absolutamente interdisciplinar de esta área se refleja también en la formación de los investigadores. Podemos encontrar físicos, matemáticos, ingenieros, biólogos, médicos y un largo etcétera de perfiles dedicados a la exploración de los sistemas complejos.

Entre muchos y notables centros de investigación dedicados al estudio de los sistemas complejos cabe destacar el Instituto de Sistemas Complejos de Santa Fe (Santa Fe Institute SFI). Ubicado en la población estadounidense de Santa Fe (Nuevo México), su origen se remonta a 1984, cuando un grupo de destacados científicos liderados por dos estadounidenses, el químico George Cowan (1920-2012) y el premio Nobel de Física Murray Gell-Mann (n. 1929), decidieron crear un nuevo centro para realizar investigaciones teóricas en el campo de los sistemas complejos fuera del círculo académico oficialmente establecido. Más de treinta años después de su creación, el SFI es uno de los lugares de referencia a nivel internacional en el campo de los sistemas complejos. Lo cierto es que se organiza de una forma un tanto peculiar. Apenas alberga científicos permanentes, pero en cambio hay un continuo flujo de investigadores de todas partes del mundo que realizan breves estancias en esta institución, a fin de intercambiar ideas y conocimientos.

EMERGENCIA Y AUTOORGANIZACIÓN: LA BASE DE LOS SISTEMAS COMPLEJOS

Todo lo expuesto hasta el momento sobre sistemas complejos puede resumirse diciendo que son aquellos cuyas propiedades no se pueden explicar por la suma de las propiedades de las par-

tes que lo componen. En este sentido, podemos decir que un sistema es complejo cuando presenta propiedades emergentes. El concepto de «emergencia» no es nuevo. Las primeras referencias a este concepto aparecen en la obra del filósofo y político John Stuart Mill titulada *Un sistema de Lógica*, publicada en 1843, aunque el término «emergencia» propiamente dicho fue introducido posteriormente por su alumno George Henry Lewis. Pese a esto, el concepto de emergencia quedó restringido al campo de los estudios filosóficos y no se aplicó en la investigación científica hasta mucho después.

Una de las más notables propiedades que emergen de los sistemas complejos es la denominada *autoorganización*. Entendemos por «sistema autoorganizado» aquel en el que, fruto de las interacciones locales entre las partes que lo forman, emerge algún tipo de orden que actúa a nivel global. Este proceso es espontáneo, no está dirigido ni controlado por ningún agente dentro o fuera del sistema. Como ejemplo ilustrativo de estos procesos de autoorganización podemos recurrir de nuevo a las termitas y a la construcción de sus termiteros. Ningún individuo dentro o fuera de la comunidad de termitas organiza el trabajo ni toma las decisiones. Al contrario, la organización emerge de forma espontánea. Las termitas interaccionan o se comunican a nivel local con las termitas que tienen más cerca. Fruto de esta interacción local emerge un orden global. Ciertamente resulta difícil de entender desde un punto de vista racional cómo un conjunto de individuos puede organizarse para abordar una tarea de enorme complejidad sin una dirección bien definida, pero parece que es así.

Los sistemas autoorganizados presentan muchas e interesantes propiedades, pero sobre todas ellas destaca el hecho de que la organización resultante está completamente descentralizada o distribuida entre todos los componentes del sistema. Esto es algo totalmente alejado de la forma habitual de organización

¿El camino a la sabiduría?

Es sencillo y simple de expresar: equivocarse y equivocarse y equivocarse de nuevo, pero cada vez menos, menos y menos.

PIET HEIN

colectiva en el hombre, basada en el establecimiento de unas jerarquías sociales, laborales, etc., muy definidas. Este tipo de organización descentralizada resulta muy robusta y eficiente, y es capaz de sobrevivir, autorrepararse y adaptarse a cambios del entorno.

Sin embargo, esta no es una propiedad exclusiva de los entes vivos. La autoorganización aparece también en sistemas artificiales diseñados por el hombre. Un ejemplo muy interesante es la aparición y evolución de internet. Tal y como la conocemos ahora, internet no es un sistema resultante de una planificación racional, sino que ha emergido y, esencialmente, se ha autoorganizado de forma no supervisada. Sus orígenes se remontan a finales de la década de 1960. En plena Guerra Fría, el Departamento de Defensa estadounidense tomó conciencia de que su sistema de comunicaciones, basado en la red de telefonía, era demasiado vulnerable frente a ataques enemigos. Para solucionar este problema, la Agencia de Proyectos de Investigación Avanzados de Defensa, más conocida como ARPA en sus inicios (*Advanced Research Projects Agency*), decidió crear una red de ordenadores conectados entre sí pero físicamente separados. De este modo, aunque un potencial ataque enemigo destruyese una parte de la red, el resto debería ser suficiente para iniciar el contraataque. Hay que tener presente que, pese a que en la actualidad el uso de las redes de ordenadores es algo muy generalizado, en aquella época supuso un tremendo desafío tecnológico. Esta nueva red se denominó ARPAnet. El primer nodo fue creado en la Universidad de California de Los Ángeles (UCLA) y fue el embrión de la actual internet. Desde el momento en que esta red dejó de ser un proyecto con protección estatal y se hizo accesible a todo el mundo, nadie la ha dirigido. Internet ha evolucionado de forma autónoma hasta ser lo que es hoy en día. La actual organización de internet y sus reglas de funcionamiento han emergido fruto de las interacciones y aportaciones de las empresas proveedoras de servicios y de los millones de usuarios sin una planificación global previa. Nadie tiene el control ni la visión global de esta gigantesca red ni, por supuesto, controla su evolución.

LA GEOMETRÍA DE LA COMPLEJIDAD

A la hora de estudiar la complejidad del mundo que nos rodea, lo primero que un observador puede apreciar es que la geometría de la naturaleza es muy diferente a la que se suele estudiar en los libros de texto. En palabras del matemático de origen polaco Benoît B. Mandelbrot (1924-2010): «Las nubes no son esferas, las montañas no son conos, las costas no son circulares, la corteza de los árboles no es lisa y los relámpagos no viajan en línea recta». En efecto, la geometría de la naturaleza es diferente, y más concretamente es *fractal*.

Por fractal entendemos cualquier elemento cuya estructura geométrica se repite a múltiples escalas, poseyendo lo que se conoce como «autosimilaridad». El nombre fractal, propuesto por Mandelbrot en 1975, deriva del latín *fractus*, que significa «fracturado» o «quebrado». Todo objeto geométrico tiene asociada lo que se conoce como una dimensión métrica. Así pues, un punto es de dimensión cero, una recta es de dimensión uno, mientras que un plano lo es de dimensión dos y el espacio, de dimensión tres. Una de las características más sorprendentes de los objetos fractales es que su dimensión métrica es un número no entero. Por ejemplo, podemos encontrar un objeto fractal de dimensión 1,6, lo que significa que tiene una métrica a medio camino entre una recta y un plano. Esto es debido a que un objeto fractal es demasiado irregular para ser descrito en términos geométricos tradicionales.

Hay que matizar que la autosimilaridad es un requisito necesario pero no suficiente para ser un objeto fractal. Por ejemplo, una recta no tiene una geometría fractal pese a ser autosimilar, ya que cada trozo de ella está formado por trozos más pequeños e idénticos de recta.

A fin de ilustrar este concepto de fractalidad es posible realizar un sencillo ejercicio geométrico. Consideremos un triángulo equilátero. Cada uno de sus lados se divide en tres partes iguales. Seguidamente se reemplaza la parte central por dos partes de igual longitud formando un ángulo de 60 grados (figura 1). Con los segmentos resultantes se procede de la misma manera,

lo que genera 12 segmentos más pequeños en la siguiente iteración. Y se sigue repitiendo una y otra vez este proceso hasta el infinito. Intuitivamente, un objeto fractal se puede imaginar como un objeto doblado sobre sí mismo infinitas veces. La figura 1 muestra las cinco primeras iteraciones de la construcción, que nos da una buena aproximación de la curva final, conocida como el *copo de nieve de Koch*.

Otro ejemplo de conjunto fractal igual de popular que el copo de nieve de Koch es la llamada alfombra de Sierpiński, descrita por primera vez por Wacław Sierpiński en 1916 (figura 2). El sistema de construcción es igual de simple que el de la figura 1. En este caso partimos también de una estructura inicial en dos dimensiones, pero ahora se trata de un cuadrado. Tras dividirlo en nueve cuadrados idénticos eliminamos el central. Entonces, a cada uno de los ocho cuadrados restantes se les aplica el mismo procedimiento, dividiéndolos de nuevo en nueve cuadrados idénticos y eliminando el del centro. Este procedimiento se repite iterativamente infinitas veces, generando una estructura de enorme complejidad fruto de una regla de construcción muy simple.

Una característica llamativa de este tipo de geometría es el fuerte contraste existente entre la considerable complejidad de las figuras resultantes, donde la propiedad de autosimilaridad resulta evidente, con la simplicidad de las reglas para generarlas.

Más allá de la curiosidad matemática que este tipo de figuras geométricas pueda suscitar, la pregunta clave es si en los sistemas naturales encontramos este tipo de geometría. La respuesta es claramente sí. En la naturaleza podemos encontrar una enorme multitud de ejemplos de sistemas que se pueden representar con muy buena aproximación mediante fractales matemáticos. No obstante, a diferencia de estos, en los sistemas naturales la característica de autosimilaridad no puede extenderse a todos los rangos de medidas o escalas. Por ejemplo, si bajamos a la escala atómica, la estructura geométrica diferirá notablemente de la que presenta a escala macroscópica.

Por citar algunos ejemplos, encontramos fractales en muchos vegetales, como es el caso de la coliflor, estudiada por el propio Mandelbrot. También los hay en la estructura ramificada de los

FIG. 1



El copo de nieve de Koch es una de las estructuras fractales más populares. Empezando con un triángulo equilátero se aplica sucesivamente una sencilla regla geométrica. Cada lado se divide en tres partes iguales y el segmento medio es reemplazado por dos segmentos de igual longitud formando un ángulo de 60°. El dibujo muestra, de izquierda a derecha, las cinco primeras iteraciones.

FIG. 2



La estructura conocida como alfombra de Sierpiński es otro popular ejemplo de geometría fractal. En este caso las reglas de construcción difieren respecto al copo de nieve de Koch, pero el resultado es igualmente fractal. La construcción consiste en dividir el cuadrado inicial en nueve cuadrados iguales y eliminar el central. Se repite iterativamente este proceso para cada cuadrado resultante. De izquierda a derecha se muestran las cinco primeras iteraciones.

conductos bronquiales, o en los caparazones de ciertos animales, como puede observarse en las imágenes de la pág. 25.

MODELOS MATEMÁTICOS O CÓMO ENTENDER UN SISTEMA COMPLEJO

Para estudiar un sistema complejo es necesario construir un modelo simplificado del mismo y separarlo de su entorno. Esencialmente, este tipo de modelos consisten en una descripción en términos matemáticos de las reglas de interacción local entre las distintas partes que componen el sistema. Dicho de otra forma, un modelo es una descripción sencilla de una realidad mucho más compleja.

Sin embargo, hay que tener presente que no existe un único modelo matemático para un sistema determinado. Un sistema puede representarse de muchas formas diferentes, por lo que puede ser descrito mediante muchos modelos matemáticos,

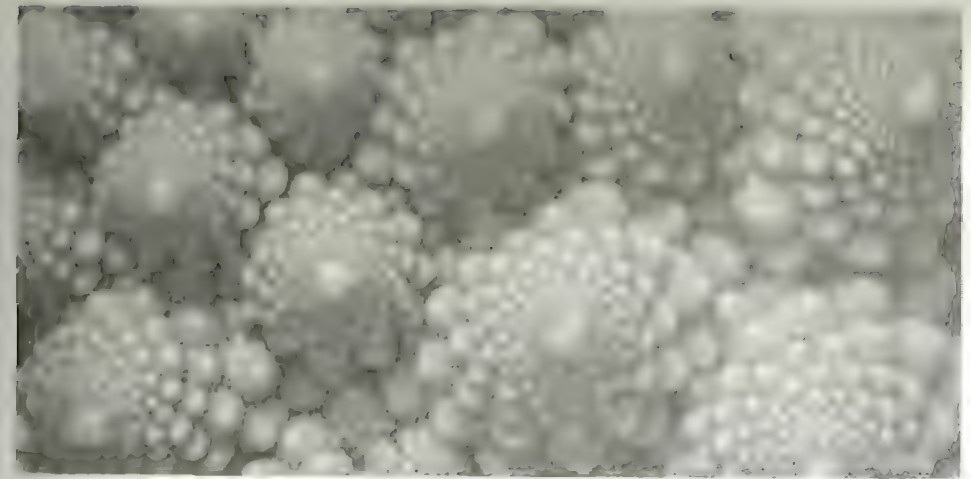
dependiendo de cada enfoque. En cualquier caso, como regla general se puede afirmar que el modelo debe ser lo más simple posible. No todas las interacciones entre las partes del sistema son igualmente importantes. El arte de desarrollar un buen modelo se basa en saber distinguir lo esencial de lo superfluo.

G.H. HARDY

Una vez definido el modelo matemático que describe a un sistema, se usan diversas herramientas analíticas, o bien se programan en un ordenador que simulará su comportamiento, a fin de estudiarlo y entenderlo.

Modelizando el tráfico: un ejemplo paradigmático

Analicemos un ejemplo sencillo para ilustrar el uso de modelos matemáticos. Cuando un conductor circula por una carretera pasa a ser, sin ser consciente, una de las partes o agentes que configuran un sistema complejo como es el tráfico. Cuando la densidad de vehículos en una carretera es alta es frecuente que se formen retenciones. Las causas que las originan pueden ser muy diversas, ya sea un accidente o un vehículo averiado que obstaculiza parcialmente la calzada, una zona de incorporación de vehículos procedentes de otra carretera, etc. Sin embargo, todo conductor ha observado que no es extraño verse atrapado en una retención que no presenta una causa externa que la explique. Simplemente, los vehículos circulan lentamente o están parados hasta que, rebasado cierto punto, de nuevo se recupera la fluidez en el tráfico. ¿Qué es lo que ha generado esta retención? Si se observa la circulación desde el aire, puede apreciarse que cuando la densidad de vehículos es baja estos circulan de forma rápida y continua, pero cuan-



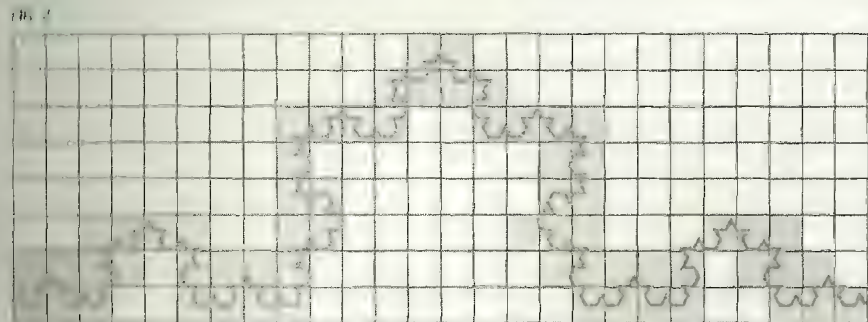
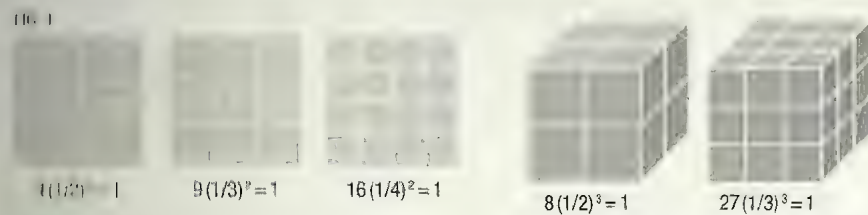
La estructura del brócoli romanesco (imagen superior), o la forma de la concha de ciertos animales, como la de nautilo de la fotografía inferior, son dos ejemplos de geometría fractal que encontramos en la naturaleza. A diferencia de los fractales matemáticos, los naturales solo presentan autosimilaridad en un cierto rango de escalas.

A COMPARISON OF THE TWO MAIN METHODS OF BOX COUNTING

[illegible]

$N(d) = 1$ 1.

El número de triángulos necesarios para cubrir un objeto de dos dimensiones, como un cuadrado de área 1, es $\sim 1/L$, donde L es el lado de cada triángulo. De hecho, L necesarios para recubrir todo nuestro cuadrado $N(L)$.



Existen diferentes métodos para medir la dimensión de un fractal. Una de las formas más simples y conocidas es el método *box-counting*, que significa «contando cuadros». Sirve tanto para objetos bidimensionales simples (arriba) como fractales. El método relaciona la escala de una forma autosimilar con el número de copias escaladas que puede contener.

2211, 1

de n moléculas en las, se obtiene por la relación $\text{C}_n = 100 \times \text{C}_n(\text{C}_n) / \text{C}_n(\text{C}_n) + \text{C}_n(\text{C}_n) + \text{C}_n(\text{C}_n)$, y volumen V , la cantidad de n moléculas en la n molécula, $N(n) = \text{C}_n(\text{C}_n) / \text{C}_n(\text{C}_n) + \text{C}_n(\text{C}_n) + \text{C}_n(\text{C}_n)$.

$$N(L) \cdot L^{-1} = 1.$$

Por aquí podemos generalizar que dado un objeto geométrico de dimensión D (con longitud, área o volumen unidad), la cantidad de objetos geométricos idénticos de tamaño L menor o igual necesarios para recubrirlo $N(L)$ guardará la siguiente relación:

$$N(L) \cdot L^c = 1.$$

Esta relación nos proporciona una definición alternativa del concepto de dimensión geométrica, como el exponente necesario para que se satisfaga la relación anterior, o en su forma equivalente, si usamos las propiedades matemáticas de los logaritmos:

$$D = \log(N(L)) / \log(1/L).$$

Trinomonos, tal y como muestran los ejemplos vistos, que el valor de D no depende del valor de L que hayamos elegido arbitrariamente, ya que una reducción en el valor de L se ve compensada con un incremento en el valor de $N(L)$, de manera que D siempre vale lo mismo.

Una cuadrícula sobre el fractal

Si aplicamos la misma definición a un objeto fractal, lo que necesitamos es calcular cuántos objetos $N(L)$ idénticos de tamaño L necesitamos para recubrirlo, y así podríamos calcular la dimensión de dicho objeto fractal. Este es el método conocido como *box-counting*. Para ilustrar este método de recida podemos usar por ejemplo la *curva de Koch* (construida con la misma regla del copo de nieve de Koch pero partiendo de un único segmento inicial en lugar de tres; véase la figura 2). Se trataría de recubrir el objeto fractal con una cuadrícula formada por cuadrados de lado L , y contar cuántos de estos cuadrados tocan al objeto fractal. Esto nos daría el valor $N(L)$ (cuadrados sombreados).

La invariancia de D

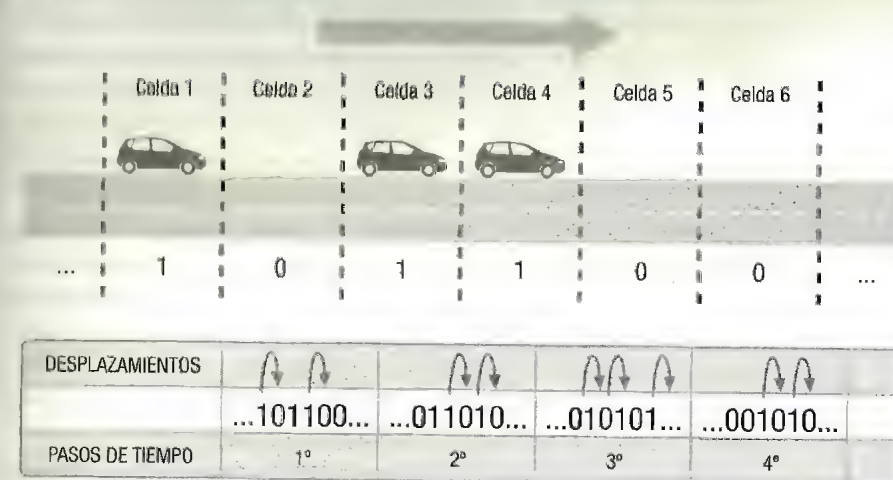
Dada la autosimilaridad de los objetos fractales a todas las escalas, el resultado es independiente del valor de L escogido. Cuando se aplica este método, vemos, por ejemplo en el caso de la curva de Koch, que la dimensión obtenida es $D=1.26$. Es un objeto con una dimensión entre la recta, $D=1$, y el plano, $D=2$. Si el objeto de estudio es un fractal matemático, el valor de D será invariante para cualquier valor de L tan pequeño como se desee. En el caso de un fractal natural, donde tal y como se ha comentado, la autosimilaridad está limitada a un rango de escalas, D será invariante dentro de ese rango.

do la densidad alcanza cierto nivel crítico, los vehículos no solo circulan más lentamente, sino que no lo hacen de forma fluida. El comportamiento del conjunto de vehículos es más parecido a un acordeón, con alternancia de zonas de compresión (retenciones) seguidas de zonas de expansión (tráfico fluido). El origen de esta dinámica emerge de las interacciones locales entre vehículos vecinos. Cuando el conductor circula solo está atento a su entorno más inmediato y se guía por unas reglas simples. Sin duda, la más importante es evitar las colisiones con otros vehículos. Cuando un automóvil frena, el que le sigue frenará también, y así sucesivamente. Este fenómeno se propagará a lo largo del conjunto de vehículos. Por tratarse de un sistema complejo, los efectos de este frenado no son iguales en todos ellos. Empíricamente se observa que un frenazo brusco en un punto determinado puede dar origen a un atasco varios kilómetros más atrás. Este fenómeno hace válido aquel famoso proverbio que dice que «el aleteo de las alas de una mariposa se puede sentir al otro lado del mundo».

Podemos intentar entender la dinámica de este sistema utilizando un tipo de modelo matemático muy sencillo, conocido como el «modelo de celda autómatas». En este modelo se considera que la calzada por la que circulan los vehículos está dividida en casillas o celdas iguales, como si de un tablero de ajedrez se tratase. Cada una de estas celdas únicamente puede contener un vehículo a la vez. El estado de cada celda se puede describir como 1 si está ocupada por un vehículo, o 0 si está libre. El modelo considera una única regla de movimiento: un vehículo se desplaza de su celda hasta la que tiene justo delante solo si está vacía. Codificando el problema en ceros y unos (bits) tenemos que en un determinado instante de tiempo la distribución de vehículos puede ser representada por una secuencia de bits. Esta regla puede ser fácilmente implementada en un ordenador que, a cada paso de tiempo, irá modificando la cadena de bits de acuerdo con la regla de movimiento a partir de una primera distribución al azar de vehículos. En la figura 3 se muestra un ejemplo de cómo realizaría esta tarea un ordenador.

Considerando la extrema sencillez de este modelo, que no tiene en cuenta aspectos que *a priori* podrían parecer fundamen-

FIG. 3



Es posible describir la dinámica del tráfico mediante la construcción de un autómata celular. En general un modelo de autómata celular consiste en dividir el sistema a estudiar en un conjunto de celdas (o casillas) que pueden estar en distintos estados. En el caso más sencillo el estado de cada celda puede ser 0 o 1. Seguidamente se definen unas reglas del autómata que nos dicen cómo puede cambiarse el estado de una celda dependiendo del estado en el que se encuentran otras celdas del autómata en ese instante. Esto nos permite describir un sistema que cambia con el tiempo en función del estado de otras partes del mismo. En concreto, para nuestro modelo de tráfico, el sistema a estudiar es el desplazamiento de los vehículos por la calzada. Para ello se considera la calzada dividida en celdas iguales. El estado de cada celda puede ser 0 si no está ocupada o 1 si contiene un vehículo. La cadena de ceros y unos codifica el estado del tráfico en un determinado instante de tiempo. En cada paso de tiempo se actualiza la secuencia de acuerdo con la regla del autómata.

tales, como la velocidad de los vehículos (todos los vehículos se desplazan a la misma velocidad, una casilla por paso de tiempo) o el trazado de la calzada, podemos observar la aparición de las mismas dinámicas que se observan en las carreteras reales. Para densidades de vehículos por debajo del 50% (menos del 50% de las celdas están en el estado 1) se observa un movimiento fluido de vehículos, sin retenciones. Sin embargo, cuando la densidad supera el 50% comienzan a aparecer atascos y ondas de congestión que se desplazan en sentido contrario al desplazamiento del tráfico.

¿Qué conclusiones podemos extraer de los resultados de un modelo tan simple? Básicamente que el tráfico es un sistema complejo en el que ciertas dinámicas, como la aparición de ondas de congestión a partir de una determinada densidad crítica,

emergen a partir de unas reglas de desplazamiento locales que siguen todos los conductores. Habitualmente, el conductor atrapado en una retención tiende a pensar que la causa es algo que está ocurriendo más adelante. El análisis matemático revela

que no es necesario que ocurra nada anómalo para que la retención se forme. El origen de una retención de tráfico es atribuible a todos los vehículos presentes en la calzada, tanto los que están delante como los que están detrás de la retención.

Esto no significa que muchos otros factores no considerados en esta modelización matemática no tengan también una contribución importante a la dinámica del sistema, pero la principal conclusión es que no son estrictamente necesarios para explicar la dinámica emergente. De este modo se consiguen identificar cuáles son los ingredientes mínimos para explicar lo que se observa en el mundo real.

En el desarrollo de un modelo que nos permita entender el porqué de algo hay que ser prudente y crítico. Definir un conjunto mínimo de reglas de interacción del que emerjan dinámicas similares a las observadas en la naturaleza no siempre significa que en el mundo real estas sean las causas que las generan. En ocasiones es posible desarrollar modelos diferentes que generan los mismos resultados a nivel cualitativo. Solo la observación y validación experimental nos permitirán saber cuál de ellos es el más acertado.

Las redes complejas

Los sistemas complejos están presentes en muchos ámbitos, tanto naturales como artificiales. Pero si los miramos con detalle vemos que, básicamente, son sistemas formados por múltiples partes que solo interactúan entre sí a nivel local. ¿Cómo puede ser que si cada parte del sistema interactúa solo con sus vecinos, todo el sistema se comporte de forma organizada?

Todo este aparente galimatías sobre la relación entre el todo y las partes que definen a un sistema complejo puede ser fácilmente ilustrado con un ejemplo. Como comentamos en el capítulo anterior, las propiedades de la sal común, el cloruro sódico, no son la suma de las propiedades del cloro, un gas altamente tóxico, ni del sodio, que en contacto con el agua reacciona liberando una gran cantidad de energía de forma explosiva. Por tanto, el todo no se explica como la suma de las partes. Este es el requisito necesario para que un sistema sea complejo.

Ahora bien, si las propiedades de algo emergen fruto de la interacción de las partes que lo forman, necesitamos poder estudiar estas interacciones, y el primer paso para estudiar algo es ser capaz de representarlo. Como dijo Albert Einstein, «si no puedo dibujarlo, es que no lo entiendo».

Una forma sencilla de representar las relaciones entre las distintas partes de un sistema es mediante lo que se conoce como un «grafo». Esencialmente, un grafo es una representación gráfica en la que cada parte de un sistema se representa como un punto llamado nodo, y cada interacción entre dos partes o nodos se representa por un enlace o arista que une ambos nodos. Estas

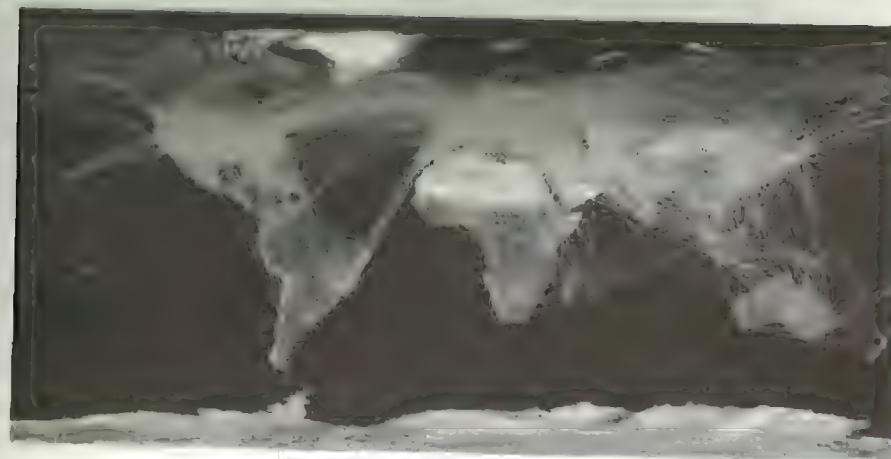
representaciones gráficas forman auténticas redes de conexiones, pudiendo llegar a ser extremadamente complejas. Un ejemplo ilustrativo es la red de transportes aéreos que se muestra en la figura 1. Cada aeropuerto es un nodo de la red, mientras que cada vuelo que conecta dos aeropuertos es un enlace.

De forma inmediata, al observar uno de estos mapas la primera pregunta que acude a la mente es: ¿se puede averiguar algo a partir de un dibujo tan enrevesado? Ciertamente, no han faltado voces científicas que han cuestionado la utilidad o el alcance de este tipo de representaciones. Afortunadamente, hoy en día hay una teoría de redes sólida que permite el análisis de estos sistemas complejos a partir de su red de interacciones. Fruto de este análisis se pueden llegar a obtener informaciones muy relevantes sobre el sistema representado. Y es que, en el fondo, parece ser que estas redes complejas comparten una serie de características comunes. Con independencia del sistema que representen, ya sean las redes de tráfico aéreo o la de las neuronas del cerebro, las redes complejas tienen lo que podemos denominar una estructura o esqueleto básico con propiedades muy comunes. Estos esqueletos básicos son la estructura que permanece tras eliminar todos aquellos nodos y enlaces que no son indispensables. Es decir, de todos aquellos cuya supresión no altera sustancialmente el comportamiento global del sistema complejo que representa. Es como si canceláramos una línea aérea entre dos pequeñas poblaciones poco relevantes. A nivel global, este cambio tendría poco impacto. En cambio, si anuláramos los vuelos entre Nueva York y París, seguramente todo el tráfico aéreo mundial se vería afectado, porque estos vuelos forman parte del esqueleto de la red.

Analizando y comparando múltiples redes complejas, ya sean redes tecnológicas como internet, biológicas o sociales, puede observarse que su desarrollo evolutivo ha seguido los mismos mecanismos fundamentales.

La importancia de entender los mecanismos que han dado origen a estas redes complejas, de entender cómo se ha formado su estructura inicial y cómo esta ha evolucionado hasta convertirse en lo que son actualmente, debería ayudarnos a predecir su evo-

FIG. 1



La imagen representa la red de líneas aéreas a nivel mundial. Esta red incluye más de un millar de aeropuertos distribuidos por todo el mundo, con más de treinta mil líneas aéreas que enlazan esos aeropuertos. En función de su volumen de viajeros no todas las líneas aéreas son igualmente importantes. Si elimináramos los enlaces poco relevantes, es decir, aquellos que, de ser eliminados, afectarían en poca medida al resto de la red, nos quedaríamos con su esqueleto básico, mucho menos complejo.

lución futura. Por citar un ejemplo relevante, si nos preguntamos cómo afecta la estructura de las redes sociales, es decir, todas aquellas personas con las que nos relacionamos, en la propagación de enfermedades infecciosas, resulta obvio que entender los patrones de evolución que siguen estas redes es de una enorme importancia.

LOS PRIMEROS PASOS DE LAS REDES COMPLEJAS

El origen del estudio de los grafos no es reciente. Hay que remontarse a la época del matemático suizo Leonhard Euler (1707-1783), a lo largo del siglo XVIII. Sin embargo, es a finales de los años cincuenta del siglo XX cuando realmente el estudio de las redes da sus primeros grandes pasos. En esta época dos matemáticos húngaros, Paul Erdős y Alfréd Rényi, introdujeron la teoría

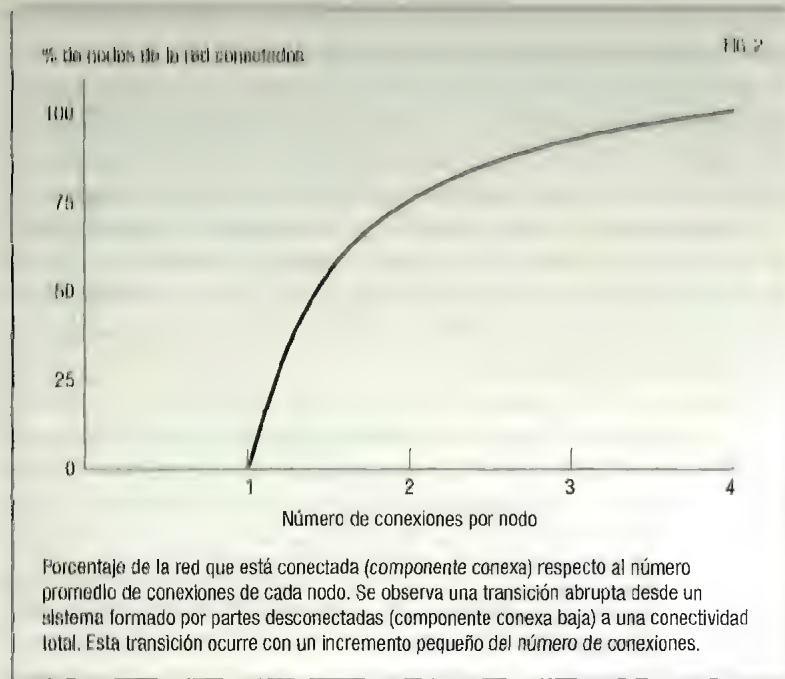
de redes aleatorias, las cuales describen un sistema complejo representado mediante un grafo aleatorio. O lo que es lo mismo, simplemente un grafo formado con un conjunto de nodos que se conectan al azar entre ellos. Es decir, cuando un nuevo nodo se incorpora a la red selecciona a cualquier otro nodo ya existente para conectarse. Esta selección se hace al azar y con la misma probabilidad para todos los nodos. Pero ¿qué interés puede tener el estudio de un sistema descrito por una red aleatoria con conexiones al azar? ¿Representa algún aspecto del mundo real o es solo un juego matemático? Ciertamente, no parece muy razonable pensar que los sistemas complejos que nos rodean sean estrictamente aleatorios. No obstante, la gracia de que este sistema sea aleatorio es que las propiedades que en él se observan no vienen determinadas por ningún otro mecanismo que no sea el propio grafo. Ante el estudio de cualquier sistema real siempre nos podría quedar la duda de cuántas de las propiedades que observamos son debidas a la naturaleza específica de ese sistema. En el fondo, un ordenador y una termita no son iguales, ¿por qué deberían tener propiedades similares internet y un termitero? Sin embargo, en una red aleatoria las propiedades que pueden existir son algo intrínseco a la red y no dependen de nada más, no importa si los nodos del grafo representan ordenadores o termitas. Esto convierte a las redes aleatorias en un banco de pruebas ideal y un modelo con el que comparar.

Las redes aleatorias estudiadas por Erdős y Rényi son muy uniformes en lo que al nivel de conexión de sus nodos se refiere. Todos los nodos tienen un número muy similar de conexiones, lo que es lógico dado que todos los nodos tienen la misma probabilidad de conectarse con otro nodo. Considerando que, en promedio, cada nodo tiene un número de conexiones k , si algo le pasase a un nodo de la red, ¿cuánto tardaría el resto de la red en enterarse? Supongamos que un nodo representa un individuo que contrae una enfermedad altamente contagiosa. Como en promedio este nodo estará conectado con otros k individuos (nodos), en el siguiente paso de tiempo (tiempo necesario para transmitir la enfermedad) tendríamos k infectados más. Ahora bien, cada uno de estos individuos está conectado a su vez con

otros k , de modo que en el segundo paso de tiempo tendremos infectados a k^2 individuos. Y así sucesivamente. Es fácil ver que en tan solo 10 pasos de tiempo se habrán infectado k^{10} individuos. Si consideramos una red social donde cada sujeto, de media, esté en contacto con 5 sujetos más ($k=5$), en 10 pasos de tiempo tendremos infectados casi 10 millones de personas.

Lo interesante de este sencillo análisis es que el gran alcance de la transmisión de esta hipotética enfermedad no depende de los detalles sobre esa dolencia en concreto sino que únicamente depende del grado de conectividad social k . A mayor conectividad, mayor propagación.

Podemos seguir jugando un poco más con estas redes aleatorias. Supongamos ahora que nuestra red tiene un grado de conectividad k muy pequeño, lo que significaría que los individuos de esta comunidad se relacionan poco entre sí. Los estudios de Erdős y Rényi demostraron que, en esta situación, toda la red está en realidad dividida en subgrupos desconectados entre sí. Por lo tanto, nuestra hipotética enfermedad podría afectar a uno de estos subgrupos pero no pasaría al resto de la comunidad. Se trataría de un mundo aislado, formado por pequeñas comunidades desconectadas. Pero ahora imaginemos que a estas comunidades se incorporan nuevos individuos, nodos, que se conectan al azar con los ya existentes (en promedio, con k conexiones también). Lógicamente, el grupo de nodos conectado entre sí, lo que se conoce como «componente conexas», crece. Pero lo realmente sorprendente es que existe un número crítico de conexiones que, de superarse, hacen que el tamaño de la componente conexas crezca de forma abrupta alcanzando rápidamente a todos los nodos (figura 2). Ya no hay subgrupos desconectados sino una conectividad total en la red y todos los nodos pasan a formar parte de esta misma red. Pese a que se mantenga un bajo nivel de conexiones, lo que definiríamos como individuos poco sociales, se hace inevitable que lo que le ocurra a un individuo alejado y con baja conectividad acabe afectando a todos los demás individuos de la red de forma rápida. Es un auténtico proceso de globalización, ya no es posible vivir aislado. Y esta globalización no viene impuesta desde fuera, emerge de la propia red creada sin reglas, al azar.



EL MUNDO ES UN PAÑUELO

¿Quién no ha utilizado esta popular expresión en alguna ocasión? Normalmente lo hacemos para manifestar nuestra sorpresa al descubrir cómo personas que conocemos están a su vez conectadas con otros conocidos nuestros a través de relaciones sociales en las que no participamos. Sin lugar a dudas, la verdad que encierra esta afirmación va más allá de lo que imaginamos. Observando con detalle las redes aleatorias de Erdős y Rényi, vemos que en sí mismas constituyen un «mundo pequeño» (del inglés *small world*). Esto significa que en redes con un nivel promedio de conectividad k no excesivamente alto es posible que dos nodos distantes de la red estén conectados sin pasar por demasiados nodos intermedios. Parece ser que en el mundo real la red de relaciones sociales también es sorprendentemente pequeña, pese a que vivamos en un planeta densamente poblado.

PAUL ERDŐS: UN MATEMÁTICO EXCÉNTRICO Y PRODUCTIVO

Nacido en Budapest, Hungría, el 26 de marzo de 1913, en el seno de una familia judía, fue, junto a Alfred Rényi, padre de la teoría de redes aleatorias. Hijo de matemáticos, pronto demostró sus enormes aptitudes para las matemáticas y, con tan solo veintiún años, recibió su doctorado en matemáticas. En aquella época, concretamente en 1934, emigró a Inglaterra a consecuencia del creciente antisemitismo, donde trabajó como profesor invitado durante cuatro años. Tras este período aceptó una beca para trasladarse a la Universidad de Princeton, en Estados Unidos, pero debido a que era un viajero incansable, nunca pasó demasiado tiempo en una determinada institución, llegando a tener una forma de vida que prácticamente se podría calificar de nómada.

Espoleando la productividad

Fue un científico muy prolífico, con una inmensa capacidad de trabajo, que estimulaba mediante el consumo de anfetaminas. Publicó más de un millar de trabajos científicos en colaboración con centenares de colegas repartidos por todo el mundo. Tanto esfuerzo fue reconocido por la comunidad científica. Prueba de ello son los más de 15 doctorados *honoris causa* que recibió a lo largo de su vida, así como su ingreso como miembro de la Academia Nacional de Ciencias de Estados Unidos y de la Royal Society británica.

Curiosas ideas sobre lo divino

Su alto nivel como matemático contrasta enormemente con otros aspectos de su personalidad. Era considerado una persona generosa y desinteresada, pero tenía ciertas peculiaridades. En especial, imaginaba a Dios de un modo muy singular. Creía que este disponía de un hipotético libro donde guardaba las demostraciones matemáticas más elegantes para sí mismo, a la vez que también le acusaba de esconderle los carretines y los pasaportes. Otro ejemplo de su carácter extravagante hace referencia a la invasión de la antigua Yugoslavia por parte de las tropas húngaras y alemanas en 1941. Dado que esta invasión fue bendecida por la Iglesia católica, desde ese momento pasó a referirse a Dios como el «Fascista Supremo». Como vemos, frecuentemente genialidad y excentricidad van parejas. Erdős murió el 20 de septiembre de 1996 durante una conferencia en Polonia.



Desde el siglo XIX, la generalización del uso de métodos de comunicación a distancia, tales como el telégrafo, el teléfono y posteriormente la radio, supuso un aumento del nivel de conexión entre las personas. A principios del siglo XX el mundo ya estaba dando los primeros pasos hacia lo que hoy denominamos globalización. En este contexto, en 1929 el escritor húngaro

Frigyés Karinthy propuso un reto: encontrar a otra persona que, no estando conectada directamente con él, lo estuviera de forma indirecta por medio de no más de cinco personas intermedias. Esta es, quizá, la primera referencia que existe sobre el de-

nominado concepto de «seis grados de separación». En general, esta hipótesis sostiene que si tomamos dos personas al azar encontraremos que están vinculadas entre sí por una cadena de conocidos de no más de cinco personas.

En los años cincuenta del pasado siglo, el especialista en ciencias sociales Ithiel de Sola Pool y Manfred Kochen, matemático e informático, se propusieron demostrar esta hipótesis matemáticamente, aunque no lo consiguieron. Kochen y de Sola Pool sostenían que: «En una población con un tamaño similar a la de los Estados Unidos, sin estructura social, es prácticamente un hecho que dos individuos cualesquiera pueden contactar el uno con el otro a través de más o menos dos intermediarios. En una población socialmente estructurada, esto es menos factible, pero aún parece probable. Y quizá para la población mundial, probablemente solo sería necesario añadir un individuo más».

En 1963 el psicólogo estadounidense Stanley Milgram, que había mantenido contactos con de Sola Pool y Kochen cuando estos estaban en la Universidad de París, decidió afrontar el reto. Para ello diseñó un original experimento social destinado a medir el número de conexiones que relacionan a dos personas cualesquiera. Los resultados de su experimento fueron publicados en la revista *Sociometry* bajo el título «El problema del mundo pequeño». En su día, estos resultados generaron un gran revuelo y controversia en la comunidad científica.

En un mundo global, por mucho que te alejes nunca podrás escapar de tus conocidos.

ANÓNIMO

ALFRÉD RÉNYI: APASIONADO POR LOS GRAFOS ALEATORIOS Y GRAN DIVULGADOR

Rényi nació en Budapest, Hungría, el 20 de marzo de 1921, en el seno de una familia judía durante la expansión del antisemitismo en Europa. A causa de ello tuvo serios problemas para acceder a los estudios universitarios, pero consiguió finalizarlos en 1944. En ese mismo año fue apresado por el ejército alemán e internado en un campo de trabajo, del que afortunadamente consiguió escapar. Finalmente, al acabar la guerra pudo completar su formación académica consiguiendo su doctorado en 1947, en la Universidad de Szeged (Hungría).

Propagando el conocimiento.

Rényi fue un gran docente y comunicador, y a lo largo de su carrera impartió numerosas conferencias. Muchas fueron compiladas y publicadas en tres libros: *Diálogos sobre la matemática*, *Cartas sobre las probabilidades* y *Diario sobre la teoría de la información*. También fue el fundador de dos revistas matemáticas y miembro del comité de redacción de otras

nueve. Publicó 350 artículos científicos y 17 libros en diferentes disciplinas de la matemática. Son muy destacables sus contribuciones en los campos de la probabilidad, de la teoría de la información y, naturalmente, en el estudio de las redes complejas, en estrecha colaboración con Paul Erdős, con el que publicó más de una treintena de trabajos. Falleció el 1 de febrero de 1970.



La pasión que Alfréd Rényi sentía por las matemáticas la acuñó en una frase: «Si me siento infeliz, hago matemáticas para ser feliz. Si me siento feliz, hago matemáticas para seguir siendo feliz».

Para demostrar que el número de conexiones sociales entre dos individuos tomados al azar era sorprendentemente pequeño, se encargó de forma aleatoria a tres grupos de personas residentes en tres ciudades muy alejadas entre sí, Omaha, Wichita y Boston. A los procedentes de Omaha y Wichita se les entregaron unas cartas que debían hacer llegar a los oriundos de Boston. La dificultad del experimento residía en que los individuos que debían enviar los paquetes no conocían a los destinatarios residentes en Boston ni tampoco disponían de su dirección postal. De este modo, era prácticamente imposible que les pudiesen enviar las cartas de forma directa. Ante esta situación, cada remitente de una de las cartas debía escoger a cualquiera de las personas de su red de conocidos que, a su criterio, pudiese tener más probabilidades de conocer al destinatario final y enviarle esa misiva. Una vez este individuo la recibía, en caso de conocer al destinatario final procedía a enviársela y, en caso contrario, buscaba a su vez otra persona conocida a la que enviar la carta. Y así sucesivamente hasta que estas llegasen a su destino. A fin de poder hacer un seguimiento del experimento, cada vez que una carta era enviada a alguna persona, se informaba al equipo de investigadores en Harvard.

En poco tiempo las cartas comenzaron a llegar a sus destinatarios finales en Boston. Con la información recibida los investigadores pudieron reconstruir el camino seguido por cada una o identificar el punto en el cual alguna de ellas se había perdido.

Sin embargo, este experimento no estuvo exento de problemas. El más importante de ellos fue que muchas personas no reenviaron las cartas. En realidad, de las 296 enviadas solo 64 llegaron a su destino, el resto se perdieron en algún punto del camino. Ahora bien, para estas 64, el número promedio de personas intermedias por las que pasaron fue aproximadamente 6, lo que reforzó mucho la «hipótesis de los seis grados de separación».

No obstante, este experimento fue objeto de muchas críticas en su época. Por un lado, el escaso número de cartas que llegaron a su destino ponía en entredicho la validez general de los resultados obtenidos. Por otro, se cuestionó si el hecho de que las cartas hubiesen sido enviadas a personas conocidas, en lugar

de a destinatarios intermedios elegidos al azar, podía haber introducido un tipo de sesgo en los resultados finales.

En cualquier caso, las conclusiones del experimento de Milgram fueron muy impactantes y sirvieron para despertar un enorme interés por el estudio de las redes sociales que aún se mantiene en nuestros días.

En 1998 los científicos Duncan Watts y Steven Strogatz publicaron un artículo en la revista *Nature* titulado «Dinámica colectiva en redes de mundo pequeño». En este trabajo Watts y Strogatz presentaron un nuevo método para la creación de redes aleatorias, similares a las estudiadas por Erdős y Rényi, pero con la seguridad de que constituyen un mundo pequeño. Este concepto de mundo pequeño implica que si se toman dos nodos al azar, estos estarán conectados a través de un número pequeño de nodos intermedios. Uno de los resultados de este estudio fue revelar que en estas redes de mundo pequeño prácticamente todos los nodos tienen el mismo número de conexiones promedio, es decir, que, sin imponerlo explícitamente, las redes resultantes son muy homogéneas. Este concepto adquiere una dimensión especial en determinadas redes, como es el caso de internet.

INTERNET: EL PARADIGMA DE UNA RED COMPLEJA

Sin duda alguna, cuando se piensa actualmente en la palabra red, a nuestra mente acude la idea de internet. En nuestra imaginación visualizamos internet como una enorme multitud de ordenadores conectados entre sí por millones de cables, formando un trazado extraordinariamente intrincado. Sin duda, esta imagen se acerca bastante a la realidad, pero lo más sorprendente de esta mega red no es la ingente multitud de ordenadores y otros dispositivos conectados, unos 22 000 millones en 2010 (se estima que habrán 34 000 millones en 2020). Lo que realmente sorprende es que funcione, y que lo haga de forma muy eficiente.

Cuando el usuario emprende una búsqueda de información en internet, se enfrenta a un universo de información distribuida entre millones de servidores. Sin embargo, en apenas unos

instantes tenemos acceso a toda esta información, y generalmente no se tarda mucho en encontrar lo que se busca. Los usuarios de internet están tan familiarizados con esta eficiencia que la consideran normal, o incluso mejorable, sin ser conscientes de lo sorprendente de este hecho. Pensándolo detenidamente, cuando un usuario realiza una búsqueda de información en internet, su dispositivo debe comunicarse con el resto de ordenadores de la red requiriendo la información solicitada. Pero

si esto se hiciese de forma aleatoria o secuencial, es decir, conectándose al azar con cualquier ordenador de la red o siguiendo un orden preestablecido de conexiones y repitiendo el proceso en el caso de que este ordenador al que estamos conectados no disponga de la información buscada, podríamos tardar días o semanas en conseguir lo que buscamos. ¿Qué propiedades tiene esta red que la hace tan eficiente?

Antes de entrar a analizar algunas de las características de la red de internet, hay que señalar un hecho que aún hace que todo sea más sorprendente. Internet no ha sido una red diseñada de forma racional desde sus orígenes hasta la actualidad, sino que ha ido creciendo, evolucionando, de forma no supervisada.

Tal y como ya hemos explicado, desde sus orígenes militares en 1969, esta red de ordenadores ha ido creciendo y diversificándose cada vez más. Sin lugar a dudas, durante este proceso de crecimiento el salto de gigante producido entre 1989 y 1990 fue algo decisivo para entender la actual configuración de internet. Durante este periodo el experto en computación estadounidense Tim Berners-Lee (n. 1955) y Robert Cailliau, ingeniero industrial belga, ambos investigadores del CERN (Consejo Europeo para la Investigación Nuclear), desarrollaron el conocido sistema denominado WWW (*World Wide Web*). Este sistema simple de transmisión de información experimentó una espectacular

difusión en poco tiempo, generando las conocidas páginas web que definieron internet como lo que es ahora.

Muchos investigadores han dedicado enormes esfuerzos a analizar y entender internet. Una de las claves para comprender su funcionamiento y eficiencia reside en estudiar su topología de conexiones. Esta ingente maraña de cables conectando millones de ordenadores no está hecha de cualquier manera, aunque nadie controle directamente cómo está organizada.

Ya hemos comentado que una característica común de las redes aleatorias es que los nuevos elementos que se incorporan a la red se conectan al azar con los elementos previamente existentes. Estas redes se caracterizan por tener una conectividad media homogénea. En promedio, todos los elementos de la red tienen un número similar de conexiones. Esto no pasa en internet, ni en otras redes de gran tamaño. Internet no es una red aleatoria en sí misma y, por tanto, no todos los nodos (ordenadores) son igualmente importantes desde el punto de vista de la conectividad.

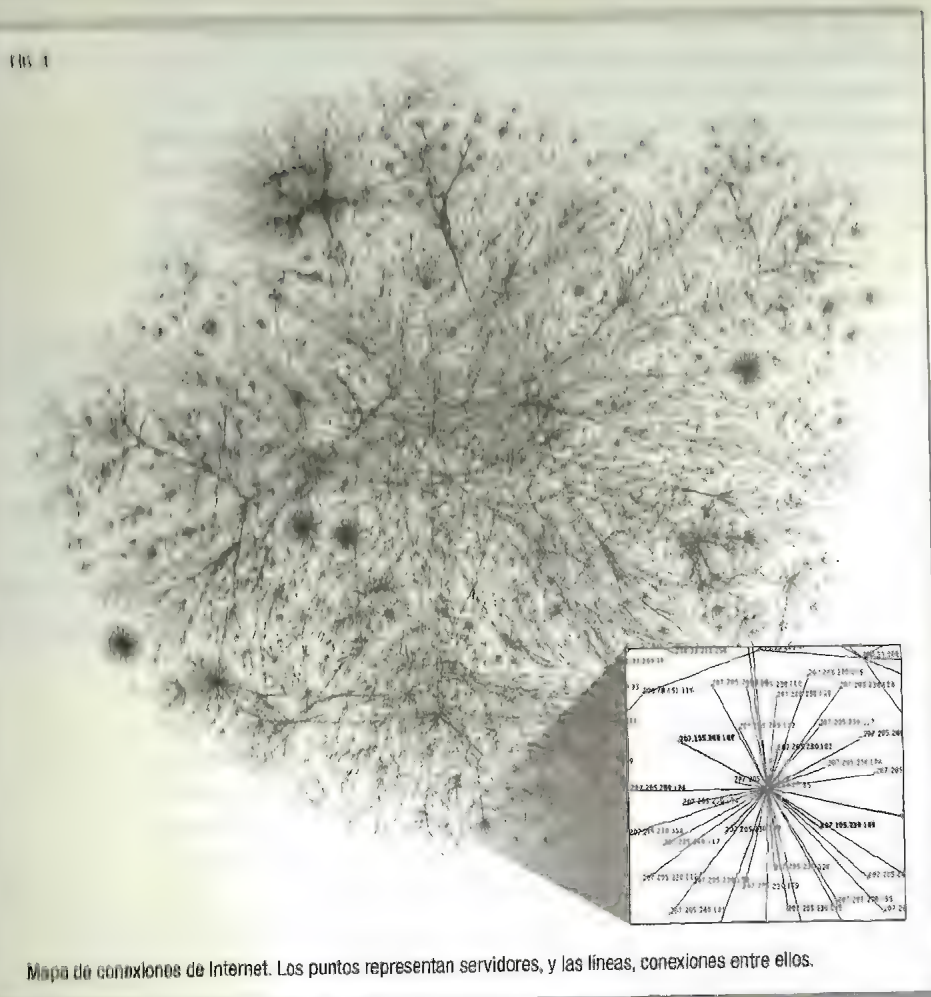
A partir del mapa de conexiones de internet (figura 3), es posible contabilizar cuántas conexiones tiene de media cada uno de los nodos de esta red, lo que denominamos «distribución de grado». El resultado de este recuento nos muestra que existe un reducido número de nodos que tiene un altísimo nivel de conexiones, seguido de un largo conjunto de otros nodos con un número cada vez menor de conexiones. Lo interesante de esta forma de conectarse, de esta topología de red, es que hace que se comporte como un mundo pequeño.

Aunque comencemos una búsqueda de información por la red en un lugar escogido de forma aleatoria, con relativa facilidad llegaremos a uno de estos nodos altamente conectados (ya que reciben muchas conexiones de otros nodos). Una vez allí, la probabilidad de encontrar el destino buscado se incrementa enormemente, ya que de estos nodos salen muchas conexiones que podemos explorar.

Tanto en internet como en otras muchas redes complejas de gran tamaño se ha comprobado que la distribución de grado sigue una ley de potencias. Es decir, si consideramos que $N(k)$ representa el número N de nodos que tienen k conexiones, esta

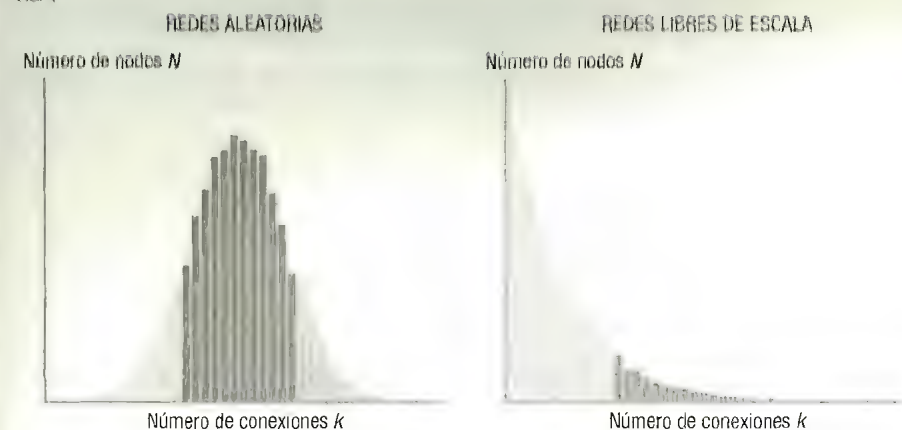
El objetivo último de la web
es apoyar y mejorar nuestra
existencia en la telaraña mundial.
Nos agrupamos en familias,
asociaciones y empresas.
Fomentamos confianza en la
lejanía y desconfianza a la vuelta
de la esquina.

TIM BERNERS-LEE



relación sigue una ley del tipo $N(k) = k^{-\gamma}$. Estas redes se conocen como redes libres de escala. En ellas, el exponente γ puede variar de una red a otra, dependiendo de su naturaleza, pero se ha demostrado que para la mayor parte de sistemas analizados γ varía entre 2 y 3. La figura 4 muestra las diferencias que hay entre las redes aleatorias y las redes libres de escala en lo que a la distribución de conexiones se refiere.

FIG. 4



A la izquierda se representa el número de nodos de una red aleatoria frente al número de conexiones. Como se observa, la mayoría de los nodos están en la zona intermedia con un número comparable de conexiones. A la derecha se representa la distribución de conexiones en una red libre de escala. Como puede verse, hay pocos con un número muy alto de conexiones, mientras que la gran mayoría tiene pocas conexiones.

Hay muchos otros sistemas que tienen propiedades semejantes a internet en lo que respecta a su topología de conexiones. Por ejemplo, las redes de comercio internacional siguen este tipo de ley de potencia; hay pocos países que concentran la mayor parte del comercio internacional, mientras que la mayoría tiene un intercambio comercial mucho menor. Del mismo modo, sistemas como las redes de distribución eléctrica o de líneas aéreas presentan las mismas propiedades.

Tras este análisis la pregunta lógica es: ¿cómo se originan este tipo de redes con pocos elementos altamente conectados y una mayoría con una conectividad mucho menor? Para responder a esta pregunta, los físicos húngaros László Barabási y Réka Albert propusieron en el año 2000 un modelo de crecimiento considerando dos ingredientes esenciales que otros modelos no tenían en cuenta: 1) las redes son abiertas y por lo tanto crecen de forma continua mediante la incorporación de nuevos nodos, y 2) la probabilidad de que un nuevo nodo se conecte con cualquier otro

nodo previamente existente en la red no es la misma para todos los nodos, como sería el caso de las redes aleatorias, sino que Barabási y Albert propusieron que la probabilidad de que un nuevo nodo que se incorpora a la red se conecte con uno ya existente depende del número de conexiones anteriores que este tenga, lo que denominaron «enlace preferencial». Cuantas más conexiones tiene un nodo, más probable será que el nuevo nodo que se incorpora a la red se conecte a él. Así, con este sencillo mecanismo, fueron capaces de generar redes libres de escala. Y este parece que es el mecanismo que sigue el crecimiento de internet.

Sin embargo, no todo son ventajas para las redes libres de escala. Pese a sus interesantes propiedades, la robustez de este tipo de redes puede verse comprometida si la red es dañada en alguno de sus nodos altamente conectados. Podemos considerar que el daño de una red puede representarse por la eliminación de alguno de sus nodos. En el caso de que el nodo eliminado esté altamente conectado, esta eliminación puede afectar a toda o a gran parte de la red. Las personas que trabajan habitualmente con equipos informáticos conectados en red habrán sufrido en reiteradas ocasiones las llamadas «caídas de la red». Estas caídas tienen lugar cuando algún mal funcionamiento ocurre en un ordenador de la red altamente conectado. En estos casos, pese a que la gran mayoría de ordenadores sigue funcionando correctamente, la red deja de funcionar para frustración de los usuarios.

Morfogénesis: estructuras complejas a partir de reglas simples

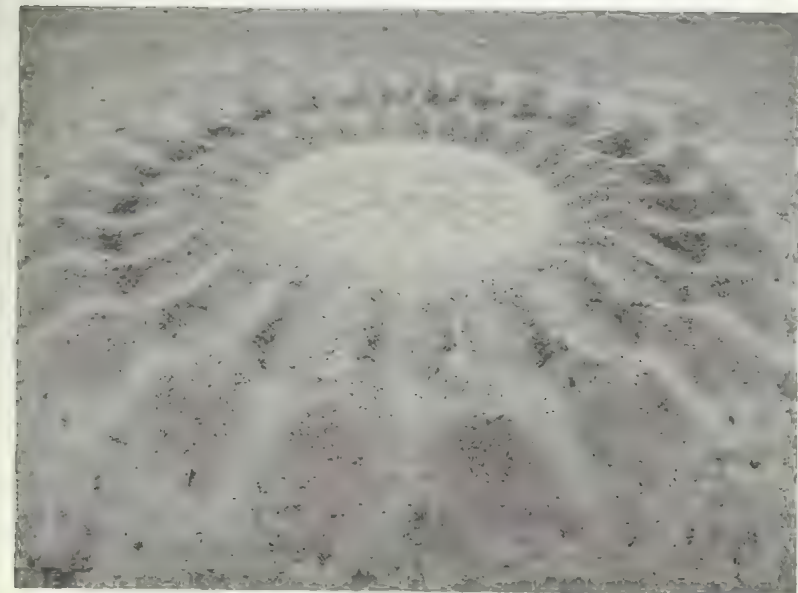
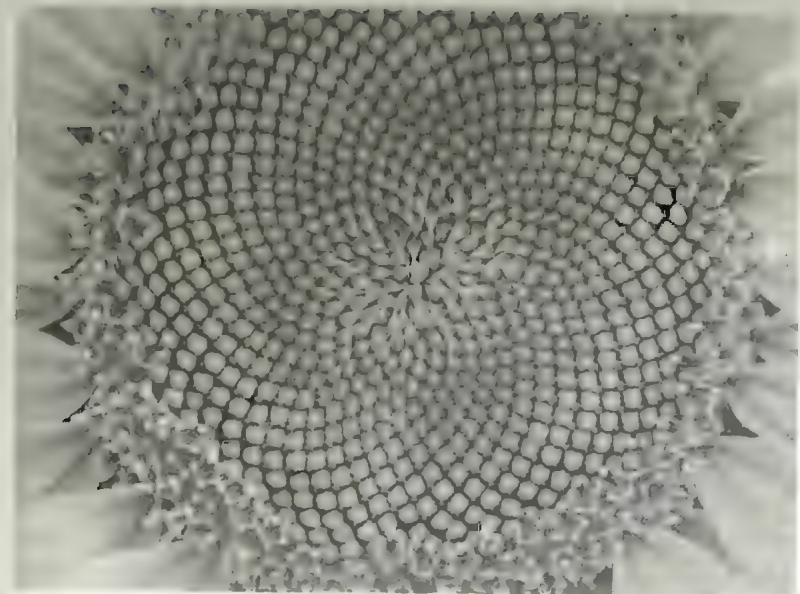
El mundo que nos rodea está esencialmente constituido por energía y materia. Pero la materia no es amorfa, ni el universo homogéneo. Justamente es todo lo contrario. A nuestro alrededor todo tiene forma y esta se expresa de las maneras más diversas. ¿Cómo se organiza la materia para generar tantas configuraciones distintas?

Sin lugar a dudas, para comprender el mundo que nos rodea es necesario entender los mecanismos que lo han modelado hasta conformar su forma actual. Las implicaciones que se derivarían del conocimiento de cómo se crean estructuras en la naturaleza son enormes. Por citar un ejemplo, si llegásemos a entender cómo se forman nuestros órganos a partir de una masa inicial y uniforme de células, podríamos reproducirlos en el laboratorio. Sabríamos crear órganos idénticos a los nuestros, solucionando definitivamente el problema de la falta de donantes y de rechazos en los trasplantes. Por lo tanto, la comprensión de estos mecanismos que moldean la materia para darle forma no es solo interesante desde un punto de vista científico, sino que presenta un enorme potencial aplicable a muchos ámbitos. Al proceso de creación de las formas lo denominamos *morfogénesis* (del griego *morphê* que significa «forma» y *génesis*, «creación»).

El estudio de los mecanismos de la morfogénesis tiene unos orígenes relativamente recientes. En 1917, el biólogo y matemático escocés D'Arcy Wentworth Thompson (1860-1948) publicó un libro titulado *Sobre el crecimiento y la forma*, en el que sostenía que las formas biológicas están más determinadas por las leyes

de la flora que por la propia evolución. En los años treinta del siglo xx se iniciaron los primeros trabajos experimentales sobre la generación de formas, de la mano del biólogo danés-alemán Joachim Hammerling (1901-1980). Básicamente, Hammerling tomó dos especies distintas de *Acetabularia*, un género de alga verde unicelular gigante, e intercambió sus núcleos, que es allí donde se localiza la información genética. El biólogo observó que las algas receptoras de un núcleo modificaban su forma original para pasar a tener una forma similar a la de la especie donante. Posteriormente, Thompson y el matemático británico Alan Turing (1912-1954) plantearon algunas de las primeras ideas sobre cómo tienen lugar estos procesos. En la actualidad los mecanismos específicos que dan origen a las diferentes formas, especialmente en el ámbito de los organismos vivos, siguen siendo un misterio en la mayoría de los casos. Pese a que a menudo no conocemos estos mecanismos en detalle, parece ser que comparten algunas características comunes. Con independencia del caso concreto de estudio, en términos generales se puede afirmar que la generación de una forma o estructura es el resultado de la ejecución de un «programa o conjunto de instrucciones», que indican los pasos a seguir en la creación de esta estructura, modulada por las circunstancias y el entorno particulares en el que este programa se ejecuta. Pero ¿dónde están codificadas esas instrucciones? ¿Quién es el encargado de su ejecución? La respuesta no es única ni sencilla. En el caso de un organismo vivo, fácilmente podemos decir que el programa está escrito en el ADN, y de su ejecución se encargan los mecanismos celulares. Sin embargo, cuando estudiamos la creación de formas regulares en la naturaleza inanimada la respuesta no parece tan clara.

La mayoría de formas o patrones que se observan en la naturaleza, desde las dunas de arena a las rayas de las cebras, tienen muchas características comunes. Los patrones se presentan cuando se rompe la simetría de un sistema. Las similitudes entre los patrones de dos sistemas distintos, como vemos en las fotografías de la página contigua, se deben a que comparten simetrías parecidas, no porque estén compuestos de los mismos materiales. ¿Es posible que la formación de patrones regulares



Dos ejemplos de formas en la naturaleza que presentan una extraordinaria regularidad: arriba, detalle del capítulo de un girasol; abajo, patrones generados en el fondo marino por el pez globo.

en ambientes tan distintos, como los que exhibe una flor o delarminados lugares del fondo marino, emerjan en respuesta a las mismas leyes?

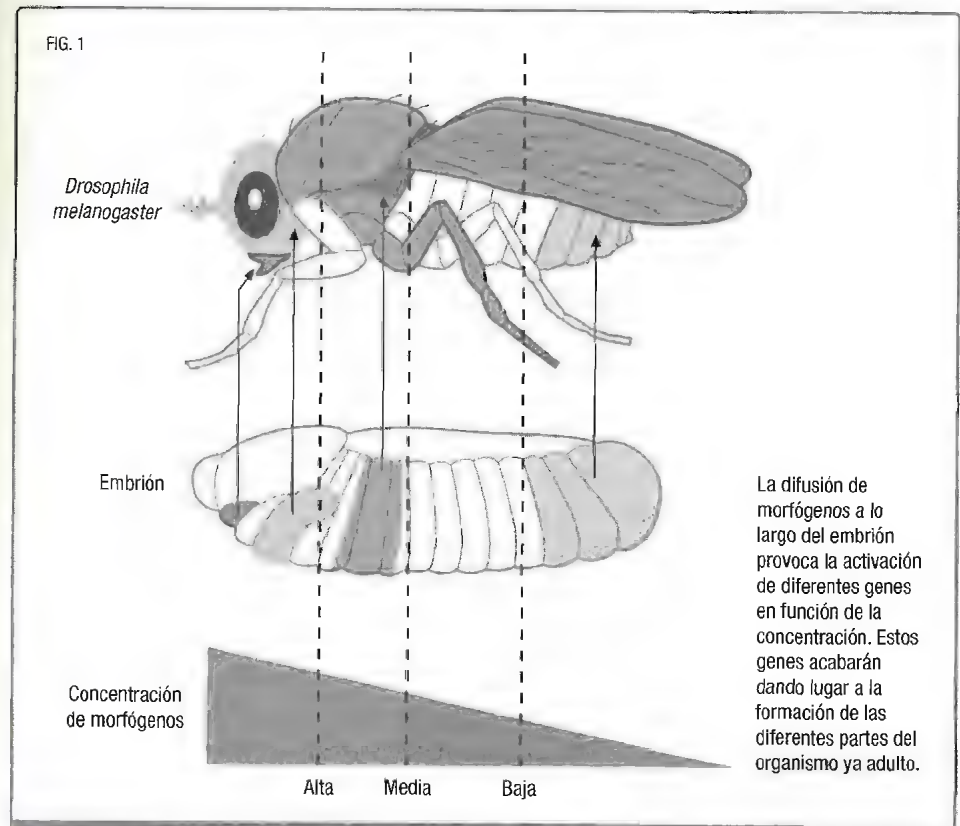
LA INFORMACIÓN POSICIONAL: DIME DÓNDE ESTÁS Y TE DIRÉ QUÉ HAS DE SER

Uno de los ejemplos más estudiados y que aún sigue ofreciendo mayores misterios es la formación de embriones (o *embriogénesis*). ¿Cómo es posible que a partir de una única célula fecundada, el cigoto, puedan generarse estructuras tan complejas y diferenciadas como las que se observan en un ser vivo? Tras la fecundación, el cigoto inicia un proceso de división celular: de una célula pasamos a tener dos, después cuatro, y así sucesivamente. Pero si esto fuese siempre así, al final tendríamos un embrión formado por una masa uniforme de células madre idénticas. ¿Qué provoca la ruptura de la simetría? ¿Qué hace que unas células pasen a transformarse en un tipo de tejidos y otras en otro, si inicialmente todas son iguales?

La respuesta está en la combinación de *morfógenos* y *espacio*. En este contexto celular, por morfógeno entendemos una o más moléculas que son secretadas por un grupo de células embrionarias. Estas moléculas se pueden difundir por el espacio y actuar sobre otras células del mismo embrión que estén a cierta distancia del punto donde el morfógeno es secretado. A medida que nos alejamos del punto de producción de morfógenos la concentración de estos se reduce, formándose lo que se llama un «gradiente de concentración». La concentración depende de la distancia. Cuando las células detectan esta molécula inician un proceso celular, como por ejemplo la fabricación de ciertas proteínas. El punto importante es que la respuesta que dan las células al ser activadas por el morfógeno depende de la concentración de este. Es decir, aquellas células que estén cerca de la fuente de producción de morfógenos detectarán concentraciones elevadas, mientras que las que estén más lejos detectarán concentraciones más bajas. Esta diferencia en las concentracio-

nes hará que las células respondan de forma distinta, y entonces... ¡ya lo tenemos! La simetría del sistema celular se habrá roto, momento a partir del cual las células ya no volverán a ser iguales nunca más.

Uno de los organismos más estudiados tanto a nivel experimental como teórico es el de la mosca de la fruta, también llamada mosca del vinagre (*Drosophila melanogaster*). Durante el desarrollo embrionario de este insecto la madre genera una señal de varios morfógenos que se difunden a través del conjunto uniforme de células que forman el embrión en el huevo, desde un extremo al otro. Estas señales se pueden generar en la parte anterior o posterior del huevo. Tal como se ilustra en la figura 1,



en función de la concentración de morfógenos, se activan unos genes u otros, que iniciarán el desarrollo de las diferentes partes del cuerpo de la mosca: cabeza, tórax y abdomen.

Sin embargo, no parece que se pueda explicar toda la complejidad de las formas y patrones que aparecen en la naturaleza únicamente a través de este desarrollo.

Para llegar a entender realmente los procesos de morfogénesis es necesario averiguar si comparten un meca-

nismo común (o más de uno), y, en caso de que exista, descubrir cómo produce uno u otro resultado en función del entorno donde se desarrolla la morfogénesis. En definitiva, necesitamos formular una teoría general del proceso.

REACCIÓN-DIFUSIÓN: UN MECANISMO GENERAL PARA LA MORFOGÉNESIS

En 1952 Alan Turing publicó un artículo titulado «Las bases químicas de la morfogénesis», en el que presentó la formulación de un mecanismo general para la formación de estructuras y patrones en la naturaleza. El planteamiento de su estudio era de carácter general, sin entrar en los detalles concretos del mecanismo biológico que se estaba estudiando, como indica en el texto publicado: «El propósito del artículo es discutir un posible mecanismo por el cual los genes de un cigoto pueden determinar la estructura anatómica del organismo resultante. La teoría no asume nuevas hipótesis, solamente sugiere que ciertas leyes físicas bien conocidas son suficientes para dar cuenta de muchos de los hechos del proceso». En su día, la idea planteada levantó polémica entre partidarios y detractores. Debido al hecho de que el trabajo de Turing se centraba en el análisis de unos sistemas teóricos muy concretos que parecían difíciles de encontrar en la naturaleza, los resultados obtenidos cayeron en el olvido durante muchos años. El mecanismo propuesto es simple y, como ya hemos visto, la simplicidad del mecanismo

no limita la complejidad del resultado. A día de hoy aún no tenemos evidencias experimentales claras e irrefutables de que el modelo de Turing sea un mecanismo general en la naturaleza, pero sí muchas evidencias parciales que apuntan en esta dirección. La demostración del carácter universal de estas reglas de morfogénesis sigue siendo uno de los grandes retos de la ciencia.

Entrando en detalles, la idea se basa en la combinación de dos mecanismos bien conocidos y, en principio, antagónicos: la producción y la difusión. Antes de la publicación del trabajo de Turing ya había numerosos estudios al respecto en el campo de la física, la química o la biología, pero hasta el momento los científicos no los habían analizado conjuntamente.

El mecanismo general sobre el que se sustentaría la explicación de la morfogénesis se basa en la existencia de unas sustancias químicas, los morfógenos, a las que en principio no se les atribuía ninguna función en concreto. En el modelo planteado los morfógenos eran tan solo entidades abstractas que, dependiendo de un determinado caso de estudio, podrían corresponder a hormonas, genes, pigmentos de la piel u otras cosas. Estos morfógenos son producidos en alguna parte del sistema como resultado de alguna reacción. Hasta aquí la idea es fácil de entender. Se podría pensar, por ejemplo, que las rayas de la piel de la cebra son el resultado natural de que algunas células de la piel produzcan un pigmento negro y otras no. Habría pues una distribución no homogénea del proceso de reacción (síntesis del pigmento negro). Esto sería suficiente para explicarlo todo si no fuera por un detalle. Inicialmente todas las células de un organismo son iguales, y por lo tanto las de la piel también. ¿Cómo pueden saber las células si tienen que sintetizar pigmento negro o no para formar rayas? De ser un proceso al azar, no organizado, lo que surgiría sería una mezcla de células, de las cuales algunas harían pigmento negro y otras no. Pero entonces... ¡el resultado sería un animal de tono gris! Sin duda nos falta algo más para explicar la morfogénesis.

La parte novedosa es que los morfógenos pueden difundirse por todo el sistema a una cierta velocidad. De acuerdo con las

leyes de la física, esta difusión siempre tendría lugar desde los lugares de mayor concentración a los de menor, cumpliendo así la denominada *ley de conservación de la materia*. Esto ya no resulta tan intuitivo. Si las cosas se difunden, podríamos pensar que el resultado esperado sería algo homogéneo. Cuando añadimos una gota de tinta a un vaso de agua, al principio esta se diferencia claramente del agua. La tinta forma unas estructuras que, debido a su difusión en el medio líquido, van desapareciendo hasta que, finalmente, obtenemos un vaso de agua sucia pero homogénea. No hay patrones ni estructuras que se soporten únicamente sobre un mecanismo de difusión. Pero ¿qué podría ocurrir si los morfógenos que se producen y se difunden fuesen, a su vez, los reactivos necesarios para seguir produciendo más morfógenos? ¿Y si un morfógeno bloquease una determinada reacción mientras que otro la activase? En este escenario, la difusión haría que las reacciones no tuviesen lugar a la misma velocidad en todos los sitios. Por lo tanto, la difusión de los morfógenos, lejos de dar un resultado homogéneo, podría incrementar la heterogeneidad. Podríamos afirmar que la difusión de los morfógenos implica transmisión de información sobre lo que está pasando en otros puntos del sistema.

Turing estudió estos sistemas combinados de reacción-difusión y llegó a la conclusión de que, en términos generales, es posible crear estructuras con sistemas que, como mínimo, produzcan dos morfógenos distintos y que se difundan a distintas velocidades. Esta asimetría es la clave. Dado que todos estos conceptos, en su forma abstracta, pueden resultar un poco confusos, lo mejor es analizar un ejemplo ilustrativo.

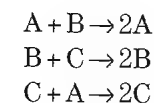
Una evidencia experimental: las reacciones químicas oscilantes Belousov-Zhabotinsky (BZ)

En 1958, el químico ruso Boris Pavlovich Belousov (1893-1970) descubrió que la disolución en agua de cuatro compuestos determinados (ácido cítrico, ácido malónico, bromato potásico y sal de cerio) no presentaba un aspecto estable, sino que el co-

lor de la disolución cambiaba periódicamente de transparente a amarillo y viceversa. Sin embargo, tuvo serios problemas al intentar convencer al resto de la comunidad científica de sus resultados, debido a que era difícil reproducir el experimento.

No olvidemos que en aquella época no era posible realizar una grabación en vídeo de la reacción y colgarla en internet como evidencia. Fue un poco más tarde cuando su compatriota y colega Anatol Zhabotinsky (1938-2008) pudo conseguir, modificando ligeramente los reactivos (cambió el cerio por el hierro), una reacción más fácilmente observable y reproducible. Pese al tiempo transcurrido, la reacción BZ sigue fascinando a quien la observa en directo.

De forma muy simplificada, el sistema de BZ se puede describir como un conjunto de reacciones que involucran a tres compuestos químicos principales, A, B y C. Las reacciones serían las siguientes:



Estas reacciones se denominan autocatalíticas, ya que un reactivo, por ejemplo A, hace que otro, el B, se transforme en el primero. Es como si la molécula se replicase a costa de otra. Como puede verse, se trata de un sistema de reacciones cerrado donde los reactivos se transforman unos en otros de forma cíclica. En el mundo real la reacción tiene algunos ingredientes más y no es cerrada, es decir, hay disipación de energía. Dicho en otras palabras, llega un momento en que la reacción se acaba. De lo contrario, se violarían los principios de la termodinámica, al tener un sistema de reacciones cíclicas funcionando hasta el infinito fuera de equilibrio sin aporte externo de energía.

El universo es asimétrico y estoy convencido de que la vida es un resultado directo de la asimetría del universo, o de sus consecuencias indirectas.

LOUIS PASTEUR

En esta reacción los ingredientes se mezclan uniformemente y se dejan en reposo en un recipiente cilíndrico de poca altura llamado disco de Petri. Aparentemente no pasa nada y el color permanece homogéneo. Pero en un momento dado, de forma espontánea, algo ocurre. Fruto de las perturbaciones naturales presentes en todos los sistemas puede suceder que, por la razón que sea, una de las reacciones se acelere o se ralentice momentáneamente en algún punto de la mezcla, mientras que el resto sigue a su ritmo. Por ejemplo, si en un punto se acelera la primera reacción, fabricaremos más cantidad de A y consumiremos más cantidad de B que en el resto. Ahora bien, el exceso de A se difundirá alejándose del punto donde se ha producido, mientras que las moléculas de B se propagarán desde la periferia en sentido contrario para cubrir el déficit puntual que ha generado la perturbación. Pero al desplazarse B de un sitio a otro, también afectará a la segunda reacción y, esta, a la tercera. En definitiva, la ruptura del equilibrio que se ha generado en un punto concreto del sistema, acabará afectando a todo el conjunto gracias a la difusión, provocando alteraciones de las concentraciones de los reactivos en cada punto y en cada instante de tiempo.

Los experimentos de Belousov y Zhabotinsky demostraron que las ideas de Turing sobre los procesos de reacción-difusión tenían un sentido real más allá de puros formulismos matemáticos y sirvieron para relanzar el estudio de los sistemas de reacción-difusión.

Llegados a este punto, puede parecer verosímil que el modelo de Turing explique las bases de la morfogénesis. Pero también puede parecer que esta explicación solo sea aplicable a sistemas químicos o biológicos, donde reactivos, proteínas y otros elementos pueden actuar como morfógenos de fácil difusión por el medio, al tratarse de elementos muy pequeños. Nada más lejos de la realidad. Este modelo puede ser aplicado en muchos contextos, algunos incluso sorprendentes, como la distribución de plantas que crecen en un terreno de varios kilómetros cuadrados. En este caso, ¿quiénes serían los morfógenos? ¿Cómo pueden difundirse?

RECETA DE LA REACCIÓN BZ

Para aquellos aficionados interesados en la química, la preparación de la reacción BZ es sencilla. A continuación se muestra la lista de reactivos y las concentraciones (en moles por litro, M) en que deben ser añadidos. No importa el orden en que se mezclen. Todos los productos químicos son fáciles de conseguir en una tienda especializada. El único consejo es hacer un volumen suficientemente grande de reacción, para que sea fácilmente visible, y seguir las medidas de seguridad para la manipulación de estos reactivos.

Reactivo	Concentración (M)
Nitrato cérico de amonio - $\text{Ce}(\text{NH}_4)_2(\text{NO}_3)_6$	0,002
Ácido málico - $\text{CH}_2(\text{COOH})_2$	0,275
Bromato de potasio - KBrO_3	0,0625
Ácido sulfúrico - H_2SO_4	1,5
Indicador visible de la reacción - Ferroína	0,0006



Distintos momentos de la reacción BZ después de mezclar los reactivos. A pesar de que en cada punto del disco de Petri tienen lugar las mismas reacciones, en cuanto aparece una perturbación espontánea en el sistema, la difusión de los reactivos hará que esta se propague y que las reacciones ocurran a distintas velocidades en distintos puntos, dando lugar a la formación de patrones visuales.

El arbusto de tigre: el modelo de Turing a gran escala

Al mirar la imagen superior de la página contigua nos surge una duda: ¿qué es exactamente lo que estamos viendo? ¿Es la piel de un tigre extendida en el suelo? No lo es, claro está, pero sin duda se parece mucho. En realidad es una fotografía aérea tomada sobre Níger. Las zonas oscuras corresponden a la vegetación que crece sobre un terreno semidesértico. Se trata de lo que se denomina una vegetación modelada, en este caso la llamada arbusto de tigre, *tiger bush* en inglés, también presente en otras partes del mundo.

Ante esta clase de imágenes nos preguntamos si los mecanismos causantes de la formación de estos patrones de plantas tienen algo que ver con los responsables de la formación de rayas en la piel del tigre. La respuesta es clara: sí. Lógicamente no a nivel concreto, una cosa son plantas y otra muy distinta pigmentos celulares, pero sí comparten las reglas de formación.

Las curiosas estructuras formadas por estas plantas fueron estudiadas por Christopher Klausmeier en 1999, hoy profesor de biología de plantas en la Universidad Estatal de Michigan, Estados Unidos. Para entender este sistema hay que considerar que tenemos dos morfógenos que se pueden producir (reacción) y difundir. Uno es el agua. El agua «aparece» sobre el terreno como resultado de la lluvia. Además, si el terreno tiene cierta pendiente, el agua fluye hacia abajo, lo que genera difusión. El segundo morfógeno son las propias plantas. Se producen sobre el terreno fruto de la germinación y crecimiento a partir de semillas ya existentes, y se difunden dado que las plantas, al crecer, aumentan de volumen y ocupan más superficie. Un primer detalle importante es que la difusión es distinta, el agua va en una sola dirección mientras que las plantas se expanden hacia todas partes. Un segundo detalle es que la velocidad de difusión es muy diferente. Una es la que tiene el agua al correr pendiente abajo y otra es la velocidad de crecimiento y expansión de cada planta. Ahora bien, estos morfógenos no son independientes. Por un lado, la cantidad de agua que hay en un punto de la pendiente depende de la lluvia precipitada en ese lugar, a la que



La fotografía superior es una imagen aérea de la distribución del arbusto de tigre en Níger. Varios estudios concluyen que su función en el ecosistema es la recolección de agua. Abajo, vista tomada desde el interior del sistema, cerca de Batama Béri. La altitud de la vegetación decrece de izquierda a derecha; la pendiente es del 1%.

caba sumar la que recibe procedente de terrenos más altos, menos la que se escurre pendiente abajo. Pero también depende de la cantidad de plantas que haya en un sitio determinado, ya que las plantas absorben parte de esa agua. A más plantas, menos agua libre. Por su parte, la cantidad de plantas que crecen en un emplazamiento concreto depende de la germinación y de la mortalidad de las plantas, pero también de la cantidad de agua que haya en ese punto. Resumiendo: el morfógeno agua activa al morfógeno planta, mientras que el morfógeno planta inhibe (consume) al agua (figura 2).

El modelo propuesto por Klausmeier considera que, dado un punto x del terreno y un instante de tiempo t , la velocidad de crecimiento de las plantas v_p es:

$$v_p(x, t) = \text{crecimiento (dependiente de agua)} - \text{muerte (plantas)} + \text{difusión (plantas)},$$

mientras que la velocidad de acumulación de agua v_a en el mismo punto x y en el mismo instante t será:

$$v_a(x, t) = \text{aporte lluvia} - \text{consumo plantas} + \text{difusión del agua}.$$

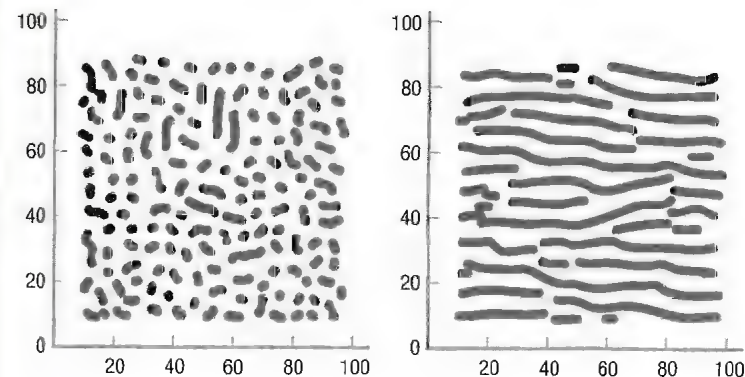
Si se programan estas reglas en un ordenador y se simula el paso del tiempo, representando la cantidad de plantas que hay en cada punto de la superficie a lo largo del tiempo, se observan unos resultados similares a los mostrados en la figura 3. En el caso de tratarse de una superficie plana, donde la difusión del agua no es muy dominante, aparece una distribución de vegetación formada por pequeñas islas casi circulares de arbustos fruto de la expansión (difusión) de las plantas en todas las direcciones de su entorno. Si, por el contrario, consideramos que existe una cierta pendiente que favorece una dirección determinada para la difusión del agua, entonces tenemos las «rayas de tigre».

FIG. 2



Mapa de interacciones agua-plantas en el modelo de Klausmeier. En el caso del agua la difusión es en una única dirección, y en el de las plantas, en todas las direcciones.

FIG. 3



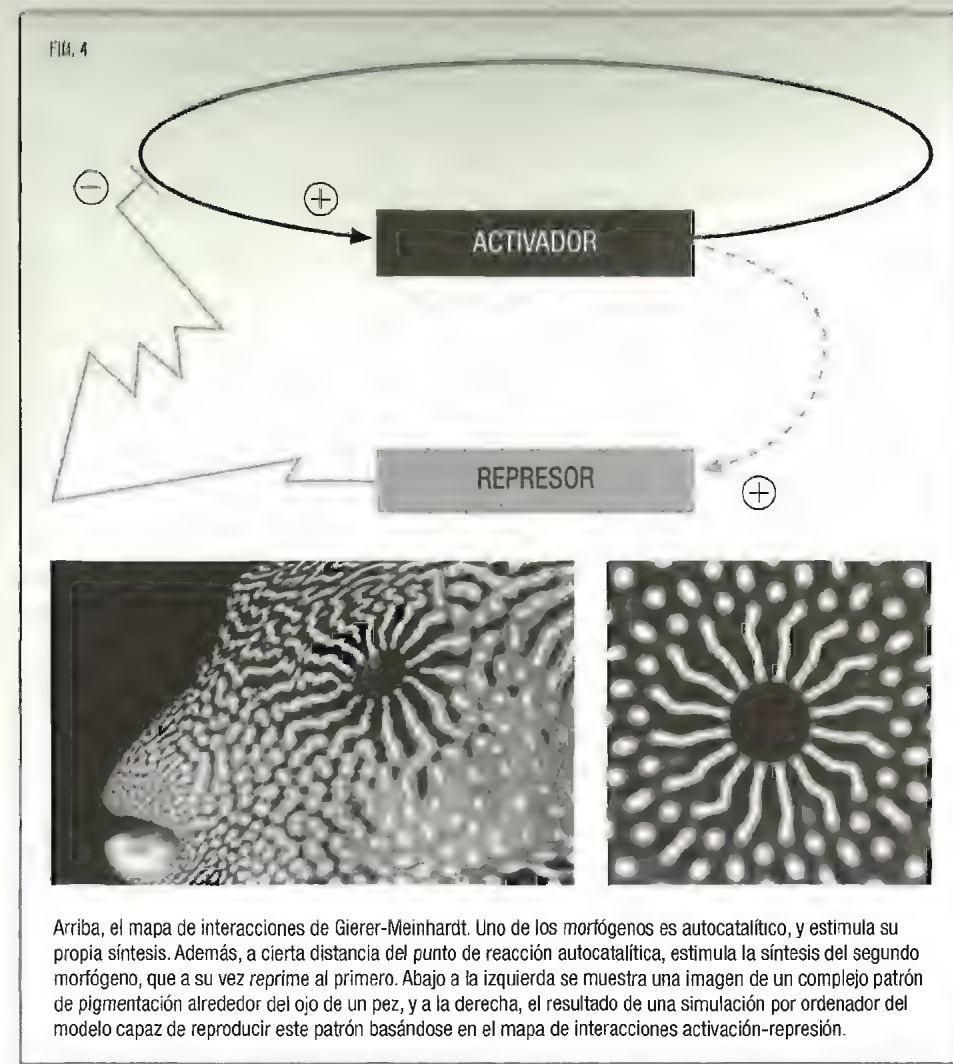
El panel de la izquierda muestra el resultado del modelo de reacción-difusión aplicado por Klausmeier a la dinámica de crecimiento del arbusto de tigre en ausencia de pendiente. A la derecha, los resultados del modelo asumiendo cierta pendiente en el terreno.

Como se puede comprobar con este ejemplo, los mecanismos de reacción-difusión de morfógenos pueden actuar a múltiples escalas, desde moléculas químicas a plantas.

Otras aplicaciones del modelo de reacción-difusión

Aunque los planteamientos formulados por Turing en su modelo de reacción-difusión eran de carácter general, en el fondo su formulación tenía un aspecto muy químico. Cabía la duda de si era extrapolable a otros sistemas, como los biológicos. Fueron dos alemanes, el físico Alfred Gierer (n. 1929) y el naturalista Hans Meinhardt (1938-2016), quienes con posterioridad desarrollaron sus propios modelos de reacción-difusión para ser directamente aplicados a los sistemas biológicos. En estos modelos biológicos se establece un tipo muy concreto de interacciones entre los morfógenos. Básicamente consideran sistemas donde uno de ellos es autocatalítico, lo que significa que activa su propia síntesis, como hemos visto en la reacción BZ. La autocatálisis permite amplificar las pequeñas irregularidades en la concentración del morfógeno, pero no es suficiente para explicarlo todo. Un sistema únicamente basado en autoamplificación haría que, a la larga, todo el sistema se activara al nivel máximo. El modelo se completa considerando que este mismo elemento tiene un mecanismo de inhibición de largo alcance que contrarrestará de forma rápida la autoamplificación. Es decir, a distancias cortas uno de los dos morfógenos se autoamplifica, pero a distancias largas activa la síntesis de un segundo morfógeno que lo inhibe. La clave del éxito de este modelo reside en el diferente comportamiento del morfógeno en función de la distancia a la que actúa.

Mediante estos modelos sencillos se puede explicar la formación de estructuras enormemente complejas, como la pigmentación en la piel de animales o en conchas de moluscos, la formación de las venas en las alas de la libélula o la formación de las células fotorreceptoras en los ojos de la mosca de la fruta. Los resultados, como los mostrados en la figura 4, son muy sorprendentes.



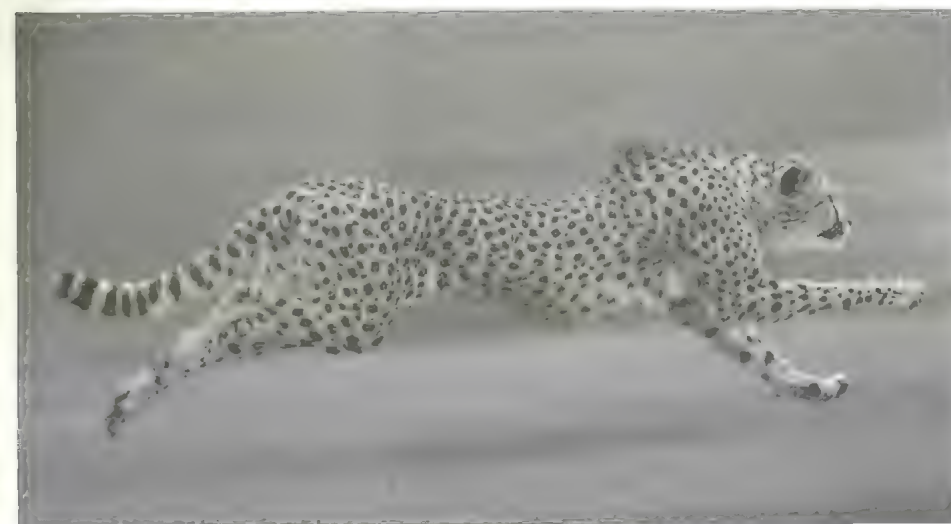
Las condiciones de contorno regulan la formación de patrones

Hasta ahora hemos visto que la morfogénesis puede explicarse mediante un sencillo sistema de interacciones entre señales (morfógenos) que pueden producirse y, sobre todo, que pueden

difundirse. Pero, dado que la difusión es un fenómeno espacial, ¿qué ocurre cuando alcanzamos los límites del espacio disponible? El tamaño del espacio disponible para la difusión es muy determinante en la formación de patrones espaciales. La existencia de límites o contornos en el espacio de difusión afecta a la formación de patrones; es lo que denominamos «condiciones de contorno».

Existen diferentes tipos de condiciones de contorno. Por ejemplo, en la reacción BZ la difusión de los reactivos químicos está confinada dentro de unas placas de Petri, es decir, hay unas paredes que marcan el límite del espacio hasta donde puede haber difusión. Por el contrario, en el sistema del arbusto de tigre, los límites, que pueden estar muy alejados entre sí, los marca el propio terreno. Una tercera posibilidad aún no analizada es que no existan estos límites de contorno. Esto ocurrirá siempre que nuestro sistema actúe sobre una superficie cerrada sobre sí misma. Un ejemplo bien claro es el de la piel de los animales. No hay un borde o límite que marque su fin. Si recorremos con un dedo la piel de un animal, podemos estar infinitamente moviéndonos sobre ella sin encontrar un final. Ciertamente lo que ocurrirá es que, tarde o temprano, volveremos a pasar por el mismo sitio por donde ya habíamos pasado con anterioridad. En este tipo de sistemas tenemos lo que se conoce como «condiciones de contorno periódicas».

El profesor de matemáticas aplicadas escocés James D. Murray (n. 1931) ha estudiado en profundidad la formación de patrones en la pigmentación de la piel de los animales. Estos patrones están determinados por los mecanismos específicos de pigmentación que se dan en cada animal, por el tamaño de la piel y por las condiciones de contorno periódicas. Los resultados de Murray indican que cuando la piel es estrecha y larga como en las serpientes, los patrones que se forman con mayor facilidad son anillos bien delimitados, por ello los presentan la mayoría de estos reptiles. Por otro lado, a mayor tamaño de la piel, la formación de patrones compuestos por puntos o manchas se hace más frecuente. Como ejemplo tenemos las irregulares rayas del tigre y las manchas del guepardo. Pero si nos fijamos en la cola de los



Arriba, una imagen de la serpiente de coral con una llamativa pigmentación en anillos. Abajo, un guepardo: la imagen muestra claramente la transición desde un patrón de pigmentación a topos en la piel del cuerpo a uno en anillos en la cola, como resultado de la reducción de la superficie de la piel.

[illegible]

de células que en su mayoría, y con estos tratamientos pioneros para la regeneración de lesiones medulares, se han centrado en la implantación de células madre en las zonas afectadas. Al estar en un entorno de células nerviosas, las células madre reaccionan iniciando un proceso de diferenciación en el que crean todo tipo de células, pudiendo llegar a reconectar los dos extremos de la médula lesionada. El proceso de diferenciación celular forma parte de la morfogénesis. Pese a no conocerla en detalle, parece claro que si las células madre se ven sometidas a los estímulos adecuados, se diferencian y pueden formar estructuras complejas. Colocándolas sobre ciertos tipos de sustrato, de colágeno y otras proteínas que definen una forma básica, denominada "andamiaje", y aplicando las señales bioquímicas adecuadas los científicos han conseguido crear más de cinco tejidos que posteriormente pueden ser implantados en el paciente. Ahora el reto es intentar lograr la creación de órganos más complejos como el corazón.



La imagen muestra una traquea creada mediante la aplicación de células madre sobre un andamio y su posterior diferenciación celular. en el laboratorio del profesor de nanotecnología y medicina regenerativa Alex Seifalian, en el University College de Londres.

Pese a que en la naturaleza todo es siempre un poco más complejo y podemos encontrar ejemplos que no se ajusten del todo a estas reglas generales, el estudio de estos modelos nos permite entender cómo unos mecanismos generales simples son el origen de las complejas estructuras y formas que observamos.

Inteligencias colectivas

Los termiteros son estructuras que admiramos por su enorme complejidad. Sin embargo, no parece que las termitas tengan conocimientos de arquitectura e ingeniería. Pero... ¿cómo lo hacen para realizar tareas tan complejas y tomar sus decisiones? ¿Dónde reside la inteligencia de estos colectivos? ¿Cómo se organizan?

Mucho es lo que podemos aprender de la observación de la naturaleza. En ella hay una enorme diversidad de comportamientos y formas de adaptarse a los continuos cambios. La inteligencia puede definirse como esa capacidad de adaptación y en la naturaleza esta se expresa de diversas maneras. En una primera aproximación podemos diferenciar entre la inteligencia del individuo y la del grupo. Sorprendentemente no siempre van parejas. Para los observadores más optimistas, la inteligencia del grupo es mayor que la del más inteligente de sus individuos. Para los más pesimistas, el grupo suele ser menos inteligente que los individuos que lo forman. Seguramente ambas afirmaciones son ciertas en función de las características de las relaciones que definen al colectivo. Cuando un grupo de inteligencias individuales se une para afrontar un reto común, generalmente se consiguen resultados que no podrían obtenerse de esos mismos individuos aisladamente. Cuando están unidos aparecen las sinergias positivas. Pero también pueden acabar actuando de forma poco inteligente si se ven arrastrados por una masa de individuos dominados por el pánico, contagiándose de él. El tipo de relación social determina la naturaleza de la inteligencia colectiva.

Lo más sorprendente de las inteligencias colectivas es el alto nivel de sofisticación que pueden llegar a alcanzar, entendida en términos de la capacidad para tomar decisiones complejas, a partir de comunidades de individuos notablemente simples. Es

La inteligencia consiste no solo en el conocimiento, sino también en la destreza de aplicar los conocimientos a la práctica.

ARISTÓTELES

en estos escenarios donde la emergencia de propiedades complejas, a partir de partes simples que componen el colectivo, alcanza una de sus mayores expresiones. Sin duda, los casos de estudio más interesantes son aquellos en los que la inteligencia de la comunidad es mayor que la

suma de las de los entes que la forman. El requisito necesario para que esto pase es que esa comunidad tenga un alto nivel de organización y jerarquización social.

Uno de los ejemplos más representativos de la existencia de estas inteligencias colectivas se observa en los denominados insectos sociales. La mayoría de los insectos llevan una vida solitaria. Solo se relacionan con otros congéneres en ocasiones muy determinadas. Vivir solo tiene sus ventajas. Por ejemplo, no es necesario repartir la comida o es más fácil ocultarse de los depredadores. Pese a estas ventajas nada despreciables, algunos tipos de insectos viven en comunidad y se organizan socialmente. Uno de los casos más paradigmáticos son las colmenas de abejas, estructuradas de forma muy jerárquica en torno a la abeja reina. Mientras esta pone huevos, las obreras recolectan néctar de forma continua para alimentar a las larvas. Por su parte, toda la colonia está defendida por las abejas soldado, que no dudan en sacrificarse para protegerla. Cada una de estas castas tiene un papel muy preciso y especializado en el conjunto del sistema. Juntas actúan como un mecanismo eficiente, pero por separado estos insectos no podrían sobrevivir. Sin reina no habría nuevos individuos en la colonia, sin obreras no habría alimento y sin soldados no habría seguridad ante depredadores. Parece claro que, en determinadas circunstancias, vivir en comunidad puede presentar aspectos positivos que compensen los posibles inconvenientes.

De una forma más precisa se considera que un conjunto de insectos es social si cumple tres condiciones: 1) hay división de trabajo, es decir, existen distintas castas especializadas; 2) coexisten distintas generaciones en la colonia de insectos, y 3) la comunidad se ocupa del cuidado de las crías de forma cooperativa, en lugar de hacerlo únicamente los progenitores.

¿Cómo se organizan estas sociedades tan complejas? ¿Cómo se toman las decisiones para afrontar los retos de la supervivencia? ¿Es un hormiguero una entidad inteligente formada por hormigas que no lo son? Estas son algunas de las preguntas fundamentales a las que se enfrentan los biólogos evolutivos a la hora de estudiar y entender dichos sistemas sociales. Pero, puestos a preguntar, aún podemos ir un paso más allá y plantearnos si seríamos capaces de crear sistemas artificiales que, inspirados en estas comunidades inteligentes, pudiesen tomar decisiones complejas frente a nuevas situaciones para las que no han sido entrenados. Quizá, en lugar de diseñar un complejo robot inteligente, sea más sencillo crear una comunidad de robots no inteligentes, pero cuyo comportamiento colectivo sí lo sea. Ciertamente esto puede parecer ciencia ficción, pero ya no lo es. Como veremos más adelante, ya se están realizando experimentos en este sentido y los resultados son muy sorprendentes.

LA COMUNICACIÓN, PIEZA CLAVE DE LA INTELIGENCIA COLECTIVA

Para conseguir que un colectivo tenga capacidad de adaptación a los cambios, es decir, sea inteligente, son precisos una serie de elementos fundamentales. Como ya hemos comentado, es necesario un cierto nivel de organización social. Pero esto no es suficiente si no disponemos de un sistema de comunicación entre los individuos. No es imprescindible que el sistema de comunicación sea tremendamente complejo, no hace falta que hablen como lo hacemos los humanos. Es suficiente con un código mínimo pero eficaz.

Un ejemplo muy claro de esta comunicación lo encontramos en el mundo de las hormigas. Todos hemos visto cómo avanzan en filas en busca de alimento. Es sorprendente la precisión de dicha organización. Mientras unos individuos van hacia la fuente de alimento, otros regresan al hormiguero, y todo de forma ordenada. Pero ¿cómo lo consiguen? ¿Cómo son capaces las hormigas de encontrar la comida, avisar al resto de la colonia y organizar el trabajo de una manera tan eficiente? La respuesta se encuentra en el sistema de comunicación natural de las hormigas. Este sistema se basa en la secreción y detección de unas moléculas llamadas *feromonas*. Pese a que las hay de muchos tipos, en general podemos decir que las feromonas son unas moléculas secretadas por algunos tipos de organismos como sistema de transmisión de señales. Con independencia de la composición química de cada feromona, todas comparten una característica común: cuando son detectadas por un individuo de la misma especie que el organismo emisor, se genera en él un determinado comportamiento. De alguna forma, la feromona le dice al individuo lo que debe hacer cuando la detecta. El término «feromona» fue creado a finales de los años cincuenta a partir de dos palabras griegas que significan «estímulo» y «hormona».

Cuando las hormigas salen del hormiguero en busca de alimento, no tienen una pauta de exploración del medio exterior, lo hacen de forma aleatoria. Es decir, se desplazan al azar en busca de algo que pueda ser transportado al hormiguero. Si durante su recorrido encuentran alguna fuente de comida, regresan al hormiguero llevando una porción. Justo en el momento en que cogen esa porción comienzan a secretar feromonas, que van depositando a lo largo del camino de regreso al hormiguero, como las migas de pan en el cuento de Hansel y Gretel. Con esto señalizan el camino que lleva a la fuente de comida. Cuando el resto de hormigas detecta las feromonas, se desencadena una respuesta generalizada en los individuos de la colonia, que salen masivamente siguiendo el rastro de feromonas hasta la fuente de comida. Sin embargo, estas feromonas son volátiles, lo que quiere decir que se evaporan y se pierden. Por tanto, si la

frente de comida está muy lejos del hormiguero, el rastro de feromonas puede llegar a perderse. Pero las hormigas han encontrado la forma de solucionar este asunto. Cuando una hormiga sigue un rastro de feromonas dejadas por otra hormiga anterior, secreta nuevas feromonas, lo que refuerza el rastro que marca el camino, creándose un sistema de amplificación de la señal. Cuantas más hormigas pasen por ese camino más intenso será el rastro de feromonas. A la larga esto provoca la formación de una «fila india» de hormigas. Pero ¿qué ocurre si se pierde el rastro de las feromonas? Este es un experimento fácil de hacer. Basta con buscar una fila de hormigas y limpiar una parte de su trayecto. En ese punto del camino se interrumpirá el rastro de feromonas. Cuando esto pasa, las hormigas no reanudan un movimiento al azar, sino que siguen desplazándose de forma rectilínea, manteniendo la misma dirección. De este modo, aunque algunas acaben desorientándose y perdiéndose, otras muchas encontrarán de nuevo el rastro de feromonas desaparecido y el camino se restablecerá.

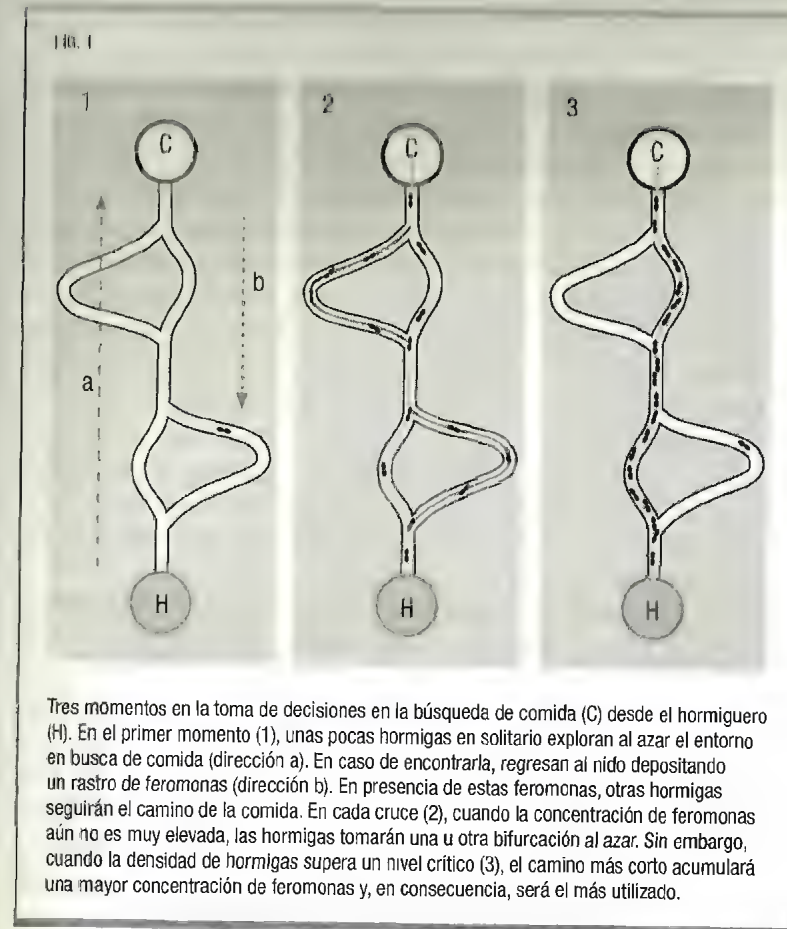
Ahora bien, ¿qué ocurre cuando este colectivo de hormigas se enfrenta a una disyuntiva? Por ejemplo, ¿qué pasa si llegan a una bifurcación de caminos que llevan a la misma fuente de comida? Es el momento de tomar una decisión. ¿Seguir el camino de la derecha o el de la izquierda? Al tratarse de un sistema de inteligencia colectiva, no hay un individuo que tome una decisión y guíe al resto del grupo. Al contrario, inicialmente los individuos irán con la misma probabilidad por ambos caminos, unos por la derecha y otros por la izquierda, en una elección al azar. Pero no olvidemos que, cada vez que las hormigas siguen un camino, van dejando un rastro de feromonas que lo refuerzan. Si uno de los recorridos que lleva a la fuente de comida es más corto que el otro, ocurrirá que la frecuencia de paso será mayor. Aun cuando las hormigas escojan un camino u otro con un 50% de probabi-

La inteligencia colectiva es una inteligencia repartida en todas partes, valorizada constantemente, coordinada en tiempo real, que conduce a una movilización efectiva de las competencias

PIERRE LÉVY

lidades, al ser uno más corto que el otro, la densidad de hormigas, es decir, el número de hormigas por unidad de superficie, será mayor en el trayecto más corto, ya que la misma cantidad de hormigas (el 50%) recorre una superficie más pequeña. Al haber una densidad mayor de hormigas, también lo será la correspondiente concentración de feromonas. Esto hará que más hormigas escojan este camino corto, incrementando a su vez la concentración de feromonas. Ahora la elección de los caminos ya no es al 50%. El resultado es que, al final, prácticamente todas las hormigas pasan por el camino más corto. La comunidad ha tomado la decisión más inteligente, pero de forma distribuida. La figura 1 muestra gráficamente tres momentos de este proceso de toma de decisiones.

¿Y si los caminos fuesen iguales? ¿Cuál sería la decisión? Aquí es donde entra en juego la aleatoriedad del proceso de toma de decisiones. Aunque de media las hormigas escojan un camino u otro con igual probabilidad, siempre encontraremos desviaciones respecto a este valor promedio. En un determinado instante es posible que, de forma puntual, haya unas pocas hormigas más en un camino que en el otro. Pero como esto se traduce en un incremento de la concentración de feromonas, esto hará que este desequilibrio puntual se vaya incrementando. Si en un momento dado hay más feromonas en un camino que en el otro, las probabilidades de que una hormiga escoja entre ambas opciones ya no es la misma. Una opción se amplifica y la otra se ve reducida. El resultado final es que la mayoría de las hormigas van por el mismo camino. Esta situación fue analizada experimentalmente por el nobel de química Ilya Prigogine (1917-2003), belga de origen ruso, y posteriormente por el francés Guy Theraulaz (n. 1962), experto en comportamientos biológicos colectivos. Durante sus experimentos observó que, ante una bifurcación, había un periodo de tiempo de desorden, como si las hormigas no supiesen qué hacer, pero finalmente acababan por elegir una de las dos alternativas. Pero esto solo ocurría siempre y cuando se dispusiese de una densidad de hormigas por encima de un valor crítico. Por debajo de este valor ambos caminos se utilizaron indistintamente, ya que la cantidad



de feromona acumulada en uno u otro no es suficiente para que el desequilibrio se haga patente.

Más recientemente, el sueco David Sumpter, profesor de matemática aplicada, y la australiana Madeleine Beekman, especializada en insectos sociales, han descubierto una nueva faceta de esta inteligencia colectiva durante unos estudios conjuntos. En este caso el experimento consistió en poner dos fuentes distintas de alimento cerca de la colonia de hormigas. Observaron que, si los dos tipos de alimento son similares, las hormigas escogen

al nazar una de las dos fuentes, pero si una es más rica entonces es la elegida. Y se constató que, pese a que las hormigas, de forma individual, no son capaces de tomar una decisión inteligente, el colectivo sí lo es.

Pero no todo son ventajas en la toma de decisiones colectivas. También pueden darse situaciones un poco disparatadas, como es el fenómeno conocido como el «círculo de la muerte» que se observa en ciertos tipos de hormigas. En concreto ocurre en el grupo de las denominadas hormigas soldado, cuya finalidad es la defensa de la colonia. Estas hormigas apenas pueden ver y se desplazan siguiendo el rastro de feromonas dejado por las hormigas anteriores. Pero ¿qué pasa si estas hormigas se desorientan y llegan a formar un camino cerrado sobre sí mismo? Muchas de ellas seguirán caminando en círculo siguiendo el rastro de feromonas de sus predecesoras y reforzándolo hasta la muerte. Este es uno de los inconvenientes de no tener una visión global de la situación.

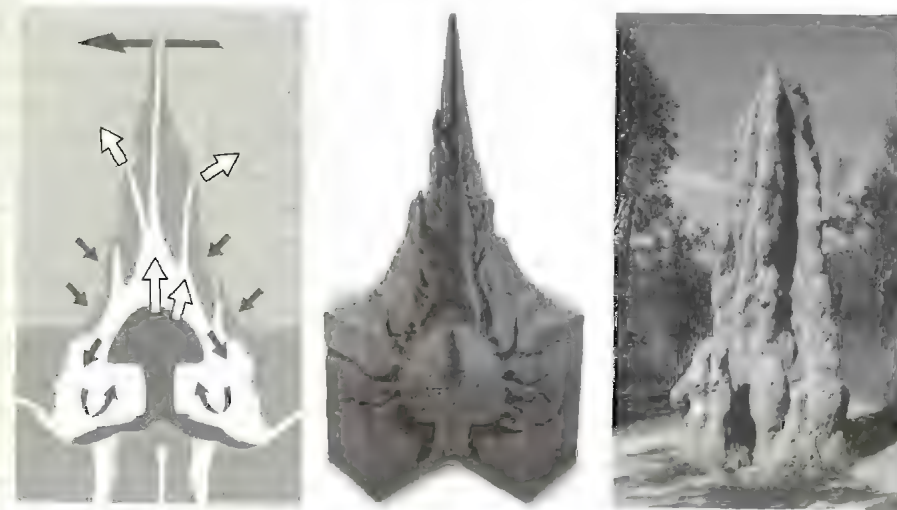
Este lenguaje químico que usan las hormigas y otros muchos insectos sociales es bastante más sofisticado de lo que *a priori* podríamos pensar. De hecho, no es un lenguaje que se base únicamente en un tipo de feromona, lo que equivaldría a tener un lenguaje de un bit, algo ciertamente limitado. La realidad es que hay todo un abecedario de señales. Por citar algunos ejemplos, tenemos la «feromona de la comida», que ya hemos comentado, o la «feromona del reconocimiento», que sirve para identificar a qué casta pertenece cada individuo. Otro tipo de feromona muy importante es la que se utiliza para indicar una situación de peligro. Se caracteriza por difundirse muy rápidamente desde el lugar donde fue depositada, extendiéndose hasta un radio de ochenta centímetros en pocos segundos. Finalmente, una feromona aún más sorprendente es la denominada «feromona cementerio». Cuando una hormiga muere, su organismo secreta esta feromona, que indica a los demás individuos de la colonia que ese cuerpo debe ser trasladado a la zona de residuos del hormiguero. Indudablemente, existe una relación directa entre la riqueza del código de comunicación y el nivel de complejidad del comportamiento colectivo.

ARQUITECTOS DE LA NATURALEZA

Antoni Gaudí (1852-1926) fue uno de los arquitectos más creativos e innovadores de la historia. Él afirmaba que «el arquitecto del futuro se basará en la imitación de la naturaleza, porque es la forma más racional, duradera y económica de todos los métodos».

Y, en efecto, parece que en muchos casos es así. A primera vista los termiteros parecen un simple montículo de barro, pero su interior esconde un diseño arquitectónico altamente eficiente. Hay que tener presente que las termitas necesitan una temperatura casi constante de 30 °C para poder vivir. Pero frecuentemente viven en entornos donde las temperaturas fluctúan desde los 2 °C de mínima hasta más de 40 °C de máxima. El diseño de los termiteros (figura 2), permite amortiguar estos

FIG. 2



A la izquierda, representación de los flujos de entrada de aire frío y de salida de aire caliente en un termitero. Estos sistemas de aire acondicionado permiten eliminar el exceso de CO₂ resultante de la respiración de las termitas y mantener la temperatura constante. En el centro, reconstrucción de una colonia de termitas, donde se observa la existencia de amplios túneles de comunicación, de los cuales derivan túneles menores, que llevan a los distintos grupos de cámaras. A la derecha, parte visible de un termitero, aparentemente un montículo de barro, que esconde la arquitectura de su interior.

cambios y conseguir un hábitat con temperatura interna estable, con fluctuaciones de no más de 1 °C. Considerando que en un termitero pueden vivir millones de individuos, mantener este sistema de temperatura controlada y ventilación eficiente es todo un desafío. Las termitas logran solucionar este problema excavando túneles en el barro húmedo de la base del

termitero. En estos túneles el aire se enfría y humedece. El aire frío tiene tendencia a desplazarse hacia la zona inferior del termitero, mientras que el caliente asciende a la parte superior, creándose un sistema de

aire acondicionado. En función de la temperatura exterior, las termitas pueden regular este flujo de aire cálido y húmedo hacia la parte superior del termitero, bien sea excavando nuevos túneles en el barro húmedo, bien sea taponando algunos ya existentes.

Lo más sorprendente del proceso de construcción de los termiteros es que no se plantean desde un diseño racional, sino que las termitas van solucionando los problemas sobre la marcha, en un auténtico ejemplo de inteligencia colectiva. En consecuencia, no existen dos termiteros iguales, pese a que todos presentan unas características comunes en su topología. En su estructura interna los termiteros están formados por un elevado número de cámaras en las que se desarrollan las actividades cotidianas de las termitas. Si analizamos la distribución de cámaras que forman un termitero y los túneles que las conectan, observamos que, en promedio, cada cámara no está conectada con todas las que la rodean, sino solo con otras dos. Las cámaras están organizadas en grupos o racimos, es decir, conjuntos de cámaras que están conectadas entre sí. A este nivel de conexión local se une un sistema de túneles más amplios organizados en forma de árbol, con múltiples ramificaciones, que permiten el paso de un grupo de cámaras a otro. Un detalle interesante es que cada grupo de cámaras se conecta con una de estas grandes vías mediante un único túnel. Esta arquitectura es un excelente sistema de defensa. Si un depredador entra en la colonia a tra-

vés de alguna de las cámaras más externas del termitero, basta con cerrar el túnel que conecta ese grupo de cámaras con la vía de comunicación para dejarlas aisladas y evitar que el intruso penetre más en el termitero.

Pero esta organizada red de comunicaciones no solo permite optimizar la seguridad de la colonia, sino que también posibilita conectar en poco tiempo diferentes zonas del nido. Si tomamos dos cámaras del termitero al azar, gracias a la topología de esta red la longitud media de los desplazamientos necesarios para pasar de una a la otra es mucho menor de la que se precisaría si todas las cámaras adyacentes estuviesen conectadas entre sí. La red de comunicaciones en un termitero forma un mundo pequeño o *small world*, del que ya hablamos en el capítulo dedicado a las redes complejas. En resumen, podemos decir que la topología de la red de comunicaciones (cámaras y túneles) está optimizada. Pero ¿cómo optimizan estos insectos una propiedad global de la red cuando solo tienen información local? Actualmente se piensa que la optimización de estas estructuras se basa en decidir qué vías de comunicación son más útiles, abandonando aquellas que sean menos óptimas. Para decidir esto, las termitas, igual que las hormigas, utilizan como fuente de información la cantidad de feromonas depositada por las propias termitas en cada uno de los túneles de la red de comunicación interna. Los que acumulan una mayor cantidad son los más utilizados, ya que, a más feromonas, mayor es la probabilidad de que una termita lo elija para desplazarse, lo que, a su vez, incrementará la cantidad de esa sustancia en ese túnel. Así se acabarán definiendo las vías principales de tránsito. Por su parte, los túneles de trazado menos óptimo se utilizarán cada vez menos, hasta quedar finalmente abandonados.

En general, vemos que la toma de decisiones a nivel colectivo se basa en unos mecanismos circulares, donde la actividad de los individuos viene determinada por la concentración de feromonas y donde, a su vez, la concentración de feromonas depende de la actividad de los individuos. Con esto se consigue coordinar las actividades de miles de insectos, dando la impresión de que la colonia sigue un plan de trabajo predefinido.

La arquitectura es como un organismo vivo, es biológica.

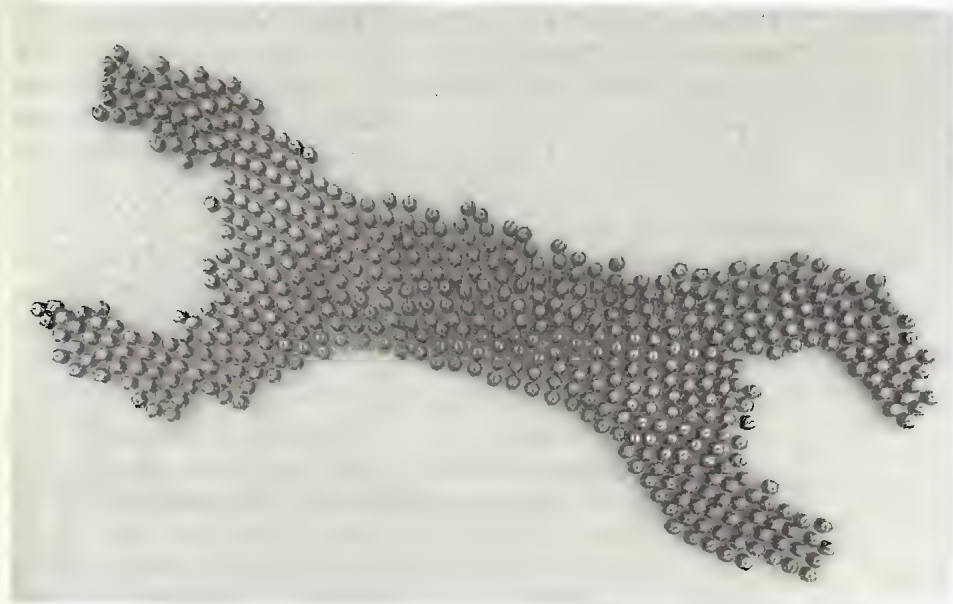
LE CORBUSIER

APRENDIENDO DE LAS INTELIGENCIAS COLECTIVAS

Viendo cómo los sistemas con inteligencias colectivas son capaces de optimizar ciertos procesos sin requerir que los agentes individuales implicados sean particularmente inteligentes, quizá la imitación de estos comportamientos en sistemas artificiales sea aplicable a la resolución óptima de problemas.

Desde hace años los científicos e ingenieros exploran la creación de nuevos algoritmos basados en la imitación de sistemas colectivos naturales. Uno de los ejemplos más claros lo podemos encontrar en la creación de métodos óptimos para el enrutamiento de los datos que viajan a través de una red de ordenadores. El objetivo que se persigue es conseguir enviar los datos de un ordenador a otro siguiendo el camino más corto, es decir, minimizando el número de ordenadores intermedios por los que hemos de pasar. Este problema es un viejo conocido para los estudiosos de los algoritmos, popularmente denominado como «el problema del viajante» (*Traveling Salesman Problem* o TSP). Formalmente este problema consiste en encontrar el camino más corto capaz de pasar por un conjunto de puntos distribuidos espacialmente, sin repetir ninguno. Se han formulado multitud de soluciones a esta cuestión, pero sin duda el uso de sistemas colectivos es una de las formas más sorprendentemente sencillas de abordarlo, concretamente mediante un algoritmo de optimización basado en colonias de hormigas: el *algoritmo ACO* (*Ant Colony Optimization*).

Para implementar este algoritmo, primero representaremos nuestro problema como un grafo, es decir, como un conjunto de puntos que representan los diferentes ordenadores que forman nuestra red (vértices). Seguidamente, representaremos mediante líneas las conexiones entre cada par de ordenadores (aristas). Empezaremos en un vértice determinado y soltaremos una hormiga virtual. Cada arista del grafo tiene asociada una cierta cantidad de feromonas virtuales, que inicialmente es cero. La idea es que cuando esta hormiga esté en un vértice que tenga varias aristas, la probabilidad de que elija una dependa de la cantidad de feromona de cada posible arista. Al principio todas ellas tendrán



Una multitud de pequeños robots que pueden desplazarse cuando detectan señales de luz infrarroja y volver a producirla a su vez (arriba), son capaces de organizarse espacialmente si se colocan adecuadamente unos ciertos robots emitiendo estas señales de desplazamiento infrarrojas (abajo). Las señales infrarrojas, lo mismo que sucede con las feromonas en las hormigas, son detectadas y generadas por otros robots, produciéndose un efecto de amplificación de la señal.

la misma cantidad de feromonas (cero), lo que se traduce en que mientras hormiga virtual elegirá al azar de forma equiprobable la siguiente arista por la que va a desplazarse. Cuando dicha hormiga llegue al destino deseado, repartiremos una cantidad fija de feromonas entre todas las aristas que ha recorrido (cuanto más largo sea el recorrido, menos feromona le tocará a cada arista). Seguidamente dejaremos ir otra hormiga, la cual se encuentra en un escenario donde ya no todas las aristas tienen la misma cantidad de feromonas, y se repite el proceso. Este algoritmo es relativamente sencillo de programar en un ordenador y, tras un determinado número de iteraciones (hormigas liberadas), habremos encontrado el camino más corto dentro de nuestro grafo.

Pero las aplicaciones inspiradas en las inteligencias colectivas naturales van mucho más allá. De hecho, existe toda una rama de la inteligencia artificial, aplicada al campo de los robots móviles, conocida con el nombre de *inteligencia de enjambre*. Esta expresión fue acuñada por los ingenieros Gerardo Beni y Jing Wang en 1989. El objetivo que se persigue es crear sistemas formados por un alto número de robots simples que, de forma coordinada, sean capaces de realizar tareas complejas. Con estos sistemas se ha conseguido, por ejemplo, hacer que una masa de más de mil robots se autoorganice a nivel espacial formando distintas estructuras geométricas. En la imagen de la página anterior se muestra el resultado de algunos de estos experimentos realizados por Michael Rubenstein y sus colegas de la Universidad de Harvard. Inicialmente dispusieron de una masa de pequeños robots idénticos agrupados. El comportamiento de estos robots es muy simple, cuando un robot detecta una señal de luz infrarroja se desplaza hacia ella y, a su vez, empieza a emitir la misma señal. Mediante una señal infrarroja externa se envía un comando a la masa de robots para que inicien su desplazamiento. Al principio lo hacen al azar. Cuando inician su movimiento los robots comienzan a enviar sus propias señales de luces infrarrojas a los demás robots que les rodean. Esta transmisión de información mediante señales infrarrojas juega un papel similar al de las feromonas de las hormigas, haciendo que unos robots sigan a otros. Colocando adecuadamente en ciertos puntos de

la superficie algunos robots fijos que emiten las mismas señales infrarrojas, es posible hacer que el resto de los robots se ordene en una determinada configuración espacial.

Estos avances basados en la aplicación de la inteligencia colectiva abren un universo de nuevas posibilidades que, poco a poco, van transformándose en realidades en ámbitos muy diversos, desde el tratamiento del cáncer mediante enjambres de nanorrobots introducidos en el cuerpo, hasta el control de vehículos no tripulados. Sin lugar a dudas, la tecnología bioinspirada será uno de los grandes logros del siglo XXI.

La evolución: la forma simple de crear cosas complejas

Todas las formas de vida que nos rodean son el resultado de un largo proceso evolutivo. Pese a que la teoría de la evolución es una de las teorías científicas más populares, mucha es la confusión y numerosas las interpretaciones erróneas que de ella hacen partidarios y detractores. ¿En qué consiste, pues, la evolución?

Ampliamente conocida por la mayoría de personas, la teoría de la evolución es uno de esos casos curiosos en ciencia. A pesar de que prácticamente todo el mundo ha oído hablar de ella, es una de las teorías que más controversia, confusiones y malas interpretaciones ha generado desde su formulación en el siglo XIX. Para unos, pretende explicar el origen de las formas de vida actuales como el fruto de combinaciones y mutaciones realizadas al azar. Ciertamente, se hace difícil creer que combinando elementos de forma casual puedan emerger formas de vida tan complejas como las que hay en la naturaleza. En realidad, este es el argumento en el que se apoyan los detractores de la teoría de la evolución. Si las formas de vida que nos rodean no se pueden explicar desde la aleatoriedad es que necesariamente deben haber sido diseñadas y creadas *a priori*, y lógicamente esto solo puede haberlo hecho una entidad superior, un Dios, por ejemplo. Sin embargo, la teoría de la evolución no tiene nada que ver con esta formulación basada en el azar. En el otro extremo encontramos a quienes argumentan que la evolución es un mecanismo de selección de los mejores individuos. De alguna forma, solo los mejores, los más fuertes o inteligentes sobreviven haciendo que

las formas de vida existentes sean los diseños más óptimos. Esto tampoco es en lo que se sustenta la teoría de la evolución. Por todo ello es necesario realizar algunas precisiones al respecto. Pero antes de entrar en detalles, es interesante hacer un breve repaso sobre cómo se gestó esta teoría tan revolucionaria en su época.

UNA NUEVA FORMA DE ENTENDER LA VIDA Y LAS ESPECIES

La moderna teoría de la evolución fue formulada por el naturalista británico Charles Darwin (1809-1882) en el siglo XIX, en su obra *El origen de las especies* (1859). Su publicación engendró las más duras reacciones. En ciertos sectores, especialmente los eclesiásticos, se entendió como un ataque al origen divino de la vida y del hombre.

La historia se remonta al 27 de diciembre de 1831, cuando un buque llamado *Beagle* zarpó de Davenport, Inglaterra, con Darwin a bordo. El objetivo de la expedición, dirigida por el capitán FitzRoy, era realizar un estudio topográfico de la Patagonia y Tierra del Fuego, así como realizar un trazado de las costas de Chile, Perú y algunas islas del Pacífico. Este viaje, de casi cinco años de duración, siguió el itinerario que muestra la figura 1, llevando a su tripulación a lo largo de las costas de América del Sur, las Galápagos, Tahití, Nueva Zelanda, Australia y Sudáfrica. Para Darwin, este viaje supuso un punto de inflexión definitivo en su vida. Según sus propias palabras, fue el inicio de su «segunda vida». Tan profundo fue el cambio que experimentó a raíz de este viaje, que no solo transformó sus gustos y costumbres, sino que, a su regreso a Inglaterra en 1836, su padre llegó a afirmar que hasta la forma de su cabeza se había modificado.

Durante este largo viaje, Darwin realizó numerosos estudios y observaciones de la flora y fauna de cada uno de los lugares que visitaba. Como resultado de estas observaciones pudo constatar que incluso individuos de la misma especie tenían ciertas características particulares que estaban directamente relacionadas con el hábitat donde vivían. Razonando que la selección era la



pieza fundamental que permitía al hombre obtener mejores variedades de plantas y animales, Darwin concluyó que, de alguna forma, en la naturaleza ocurría algo similar. Del mismo modo que el hombre seleccionaba determinadas variaciones tanto en la agricultura como en la ganadería, la naturaleza hacía lo propio con las especies. Si estas variaciones resultaban beneficiosas tendían a conservarse, mientras que las más desfavorables eran proclives a desaparecer. A partir de este momento, Darwin se dedicó a trabajar en el desarrollo de esta teoría. Sin embargo, era plenamente consciente de que una teoría que afirmase que las características que definen a una especie son fruto de un proceso evolutivo, determinado por la adaptación al entorno donde viven, entraría en clara contradicción con la teoría creacionista totalmente aceptada en esa época. Su teoría cuestionaba que las especies son como son por haber sido creadas así por Dios. Si las formas de los seres vivos, y en particular la del hombre, ha-

bían cambiado a lo largo de los milenios, ¿dónde dejaba esto la afirmación de la Biblia de que el hombre fue creado por Dios a su «imagen y semejanza»?

Para evitar el, por otro lado inevitable, conflicto, decidió no escribir ni una palabra sobre su hipótesis. Lo único que hizo, en 1842, fue escribir un pequeño borrador de su nueva teoría, de apenas una treintena de páginas, que guardó celosamente. El

detonante que cambió esta situación fue que en 1858 recibió un manuscrito escrito por otro naturalista británico, Alfred Russel Wallace (1823-1913), donde se formulaba una teoría muy similar a la que había concebido Darwin. En ella aparecían también los conceptos clave de su teoría: la «lucha por la supervivencia» y la «adaptación al medio». Ante este

conflicto de autorías, Darwin y Wallace llegaron a un acuerdo entre caballeros y presentaron de forma conjunta un manuscrito con los puntos más importantes de la teoría de la evolución ante la comunidad científica. A partir de este momento a Darwin no le quedó más remedio que lanzarse de cabeza al desarrollo de sus ideas. Si no lo hacía él, otro científico de la época lo acabaría haciendo en su lugar.

En trece meses y diez días de frenético trabajo consiguió escribir la obra que le daría fama mundial. El título original fue *Sobre el origen de las especies por medio de la selección natural, o la preservación de las razas favorecidas en la lucha por la vida*. Un título que es casi un resumen de su obra. Habitualmente suele abreviarse como *El origen de las especies*. Los primeros 1 250 ejemplares se vendieron el mismo día de su aparición, el 24 de noviembre de 1859.

A partir de este momento el conflicto estaba servido. Las implicaciones teológicas de la teoría de la evolución eran revolucionarias, pues ofrecían una explicación sobre el origen de las especies que no requerían de una creación divina. De forma casi inmediata determinados sectores eclesiásticos, sociales y cien-

tíficos, liderados por el paleontólogo Richard Owen, se posicionaron claramente en contra. Darwin fue blanco de las burlas de sus detractores, como muestra la caricatura de la pág. 99, publicada en la revista *Hornet*. Como ejemplo del ambiente que se vivía en aquella época cabe recordar la sesión de la Asociación Británica para el Avance de la Ciencia (*British Association for the Advancement of Science*) que tuvo lugar el 30 de junio de 1860. En esa reunión el obispo Samuel Wilberforce intentó ridiculizar las tesis evolucionistas. Pero tuvo una dura réplica de la mano del zoólogo Thomas Henry Huxley, firme defensor de las tesis de Darwin. Ante la pregunta de Wilberforce a Huxley sobre si le «hubiera dado igual saber que su abuelo había sido un mono», la respuesta fue: «Estaría en la misma situación que su señoría».

En su propuesta original, Darwin y Wallace consideraban la selección natural como principal mecanismo de la evolución. Hoy en día la teoría de la evolución combina las propuestas de Darwin y Wallace con las leyes de Mendel y otros avances genéticos. Pero ¿qué dice exactamente esta teoría? Básicamente, en su versión moderna, afirma que: «La evolución es el cambio en la composición genética de las poblaciones». Existen múltiples mecanismos naturales que, actuando de forma combinada, son el motor del proceso evolutivo: selección natural, deriva genética, mutación, etc. El principal objetivo de los cambios evolutivos es la supervivencia de la especie. Pero es importante destacar que la evolución, y más concretamente un aspecto de ella como es la selección natural, no es un proceso dirigido de forma racional, es decir, no se persigue conseguir una especie cada vez mejor, solo basta con sobrevivir. En palabras del propio Darwin, «no es el más fuerte ni el más inteligente el que sobrevive, sino el más capaz de adaptarse a los cambios».

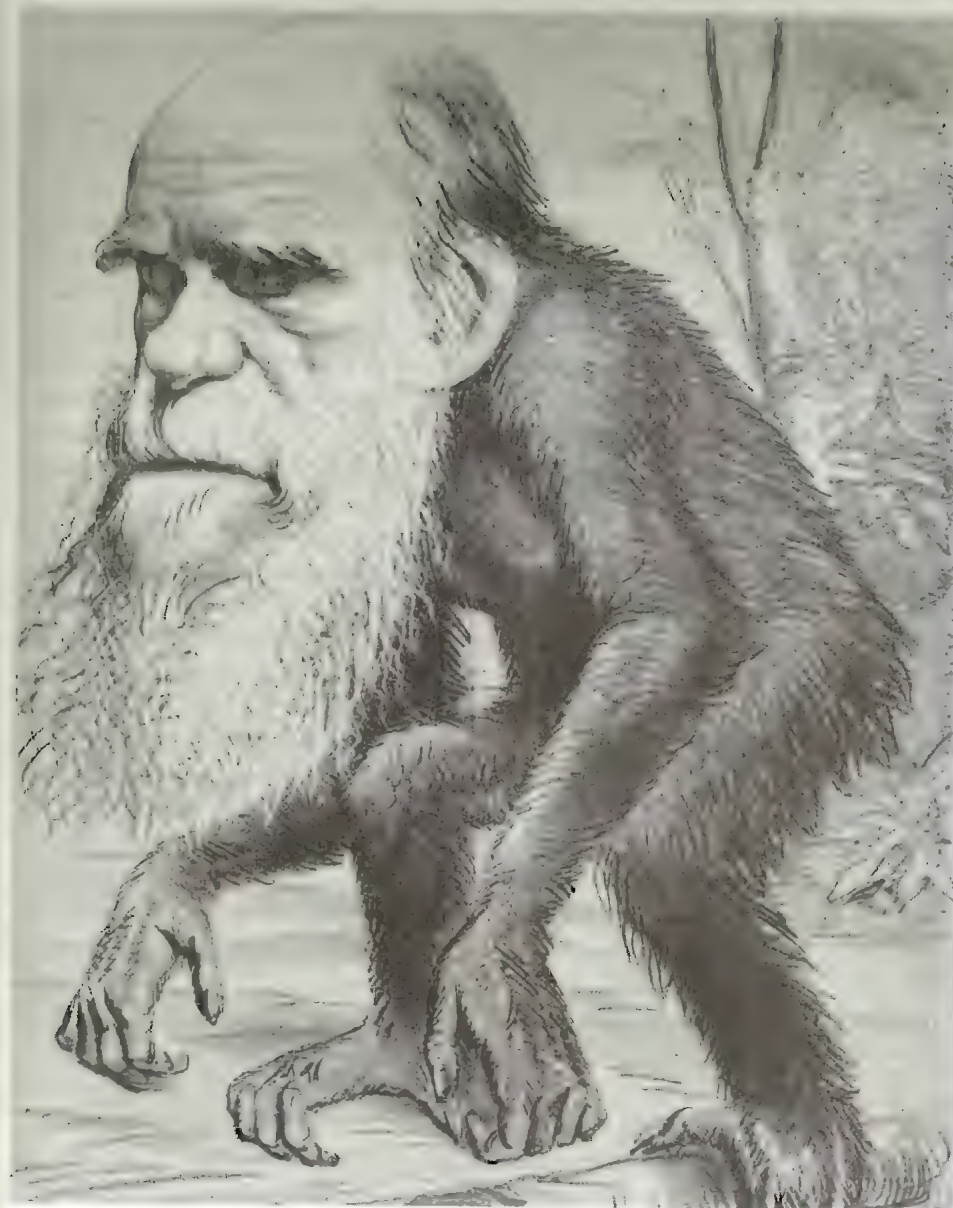
La actual formulación de la teoría de la evolución se asienta sobre tres pilares fundamentales: 1) la existencia de un antepasado común para todas las especies; 2) la aparición de nuevos caracteres en los seres vivos, y 3) la existencia de unos mecanismos que permiten que algunos de estos nuevos caracteres se perpetúen en la descendencia.

Todos tenemos el mismo tatarabuelo

Una de las mayores confusiones entre los detractores de la moderna teoría de la evolución es atribuir a esta la defensa de un origen de la vida fruto del azar. Esto es totalmente erróneo. En realidad estudia los cambios en los organismos ya vivos, pero no dice nada sobre el origen de la vida.

Aunque poco se sabe sobre el origen de la vida, sí hay un acuerdo en la comunidad científica de que todos los organismos existentes comparten ciertas características comunes, como, por ejemplo, el estar formados por estructuras celulares o el carácter universal del código genético. Dadas estas notables similitudes entre especies muy diferentes, actualmente se acepta como hipótesis más probable la existencia de un ancestro común que estaría formado por un sistema celular básico. A partir de este antepasado común la evolución ha dado lugar a la enorme diversidad de especies actuales. Se cree que hace unos mil millones de años, organismos pluricelulares simples, tanto plantas como animales, comenzaron a aparecer en los océanos, aunque no sabemos muy bien cómo. Poco después, del surgimiento de los primeros animales llegó la denominada explosión cámbrica, en la que se desarrollaron la mayoría de las características que observamos en los animales modernos. Hace unos 500 millones de años, las plantas colonizaron la Tierra, y posteriormente hicieron su aparición los primeros animales. Probablemente entre estos primeros habitantes de la Tierra se encontraba nuestro antepasado.

Pero desde estos orígenes remotos hasta la actualidad ha sido necesario recorrer un largo camino. Pese a la belleza de nuestro planeta, realmente es un entorno muy hostil para la vida. Terremotos, volcanes en erupción, tornados y huracanes, tempestades eléctricas, glaciaciones y desertificaciones, son algunos de los entretenimientos que la Tierra ofrece a sus moradores. Ante esta situación, la vida ha tenido que abrirse paso y adaptarse a los entornos cambiantes. Es interesante observar que no hay rincón del planeta, por duras que sean sus condiciones, donde la vida no haya llegado. Para conseguir esto los organismos vivos



Caricatura de Darwin publicada en la revista *Hornet*, donde aparece con rasgos de simio como burla de su teoría evolutiva.

han tenido que cambiar desde su forma original. Y el modo de hacerlo ha sido mediante las mutaciones.

O CAMBIAS O NO SOBREVIVIRÁS

A pesar de que en la época de Darwin se desconocían los mecanismos genéticos (codificados en el ADN) y epigenéticos (no codificados directamente en el ADN) que dan origen a ciertos cambios en los organismos, sus observaciones empíricas indicaban que estos cambios parecían tener lugar de forma aleatoria. Posteriormente se descubrió que, en parte, se debían a mutaciones en el genoma del individuo. Para que estas mutaciones tengan un cierto impacto en la evolución de la especie deben ser permanentes y se deben transmitir a la descendencia. Pero ¿cómo tienen lugar? Existen muchas formas de mutar el genoma. En realidad, todos los seres vivos experimentamos numerosas mutaciones en nuestro genoma a lo largo de la vida. En otras palabras, al nacer nuestro genoma es distinto que el que tenemos al morir. Las mutaciones pueden ser originadas por diversos motivos: errores en la duplicación celular, exposición a agentes mutagénicos (como ciertas sustancias químicas o la radiación, como la solar), la acción de ciertos virus, etc. Pero no todas las mutaciones se transfieren a la descendencia. Para que una mutación sea transmisible es necesario que tenga lugar en las denominadas células germinales (óvulos o espermatozoides). Las mutaciones en el resto de las células del cuerpo no pasarán a la descendencia. En general, las mutaciones pueden ser tanto beneficiosas para el organismo como neutras o perjudiciales, pudiendo generar malformaciones, muerte celular o cáncer. De alguna forma, podemos decir que un cáncer es un experimento de la evolución que no ha salido bien. Pero, pese a sus potenciales efectos negativos en un individuo, las mutaciones son la forma en que la evolución puede generar diversidad genética.

Un aspecto importante es que las mutaciones sí son un proceso al azar. No existe un plan dirigido de mutaciones. Pero la

evolución no es solo esto. De lo contrario, posiblemente la vida se habría extinguido hace millones de años. En términos generales, podemos definir la *selección natural* como el conjunto de mecanismos que hacen que algunos individuos de una especie se reproduzcan con mayor facilidad que otros, dependiendo de ciertas características genéticas o ambientales.

Por un lado existen individuos que, por las razones que sean, resultan más atractivos al sexo opuesto. Ello facilita que tengan descendencia y, por tanto, que transmitan con mayor probabilidad sus características a la siguiente generación de su especie, mientras que las de otros se extinguen a su muerte. Esta es la denominada *selección natural sexual*.

Pero que las características de un determinado individuo se perpetúen en la siguiente generación no depende únicamente de su capacidad para reproducirse. Hay otros muchos factores, como la capacidad para encontrar alimento, la habilidad a la hora de huir de los depredadores o de adaptarse a cambios del entorno, que resultan decisivos. Es decir, pese a que un individuo resulte muy atractivo para la reproducción sexual, si no es capaz de huir de un depredador será difícil que tenga descendencia. Esta es la denominada *selección natural ecológica*.

LA ECUACIÓN DE LA EVOLUCIÓN

Además de los factores mencionados, existen otros muchos que intervienen en la evolución. A modo de resumen podemos describir la evolución, entendida como capacidad de adaptación, mediante la siguiente ecuación,

Evolución = Mutación + Selección Natural + otros factores,

de la que se desprende que en la evolución intervienen factores aleatorios, como las mutaciones, pero también factores selectivos que no funcionan al azar, sino que van dirigidos a un fin: la supervivencia. Es la combinación de estos dos aspectos lo que

hace de la evolución un mecanismo tan eficiente que ha permitido a la vida conquistar todo un planeta.

La comprensión de los mecanismos de la evolución, en el fondo no tan complicados desde el punto de vista conceptual, nos permite entender cómo las múltiples formas de vida de nuestro planeta han podido llegar a ser lo que hoy observamos. Pero nuestra especie no es una mera observadora pasiva de la evolución. Al contrario, desde que caminamos sobre el planeta hemos intentado moldear el entorno y las formas de vida que nos rodean para sobrevivir. Y esto lo hemos conseguido dirigiendo la evolución. En otras palabras, en la ecuación que define al proceso evolutivo, hemos cambiado el término de «selección natural» por otro más adecuado a nuestras necesidades, como es el de «selección dirigida». Durante siglos el hombre ha cultivado determinadas plantas, quedándose con aquellas variedades que daban mayores cosechas y descartando el resto, o criando animales y cruzándolos de forma adecuada en busca de especies más fuertes, rápidas o resistentes. En definitiva, el hombre ha moldeado la evolución de ciertas especies para su propio beneficio. Tenemos multitud de ejemplos de los resultados de este proceso. Si nos fijamos en las distintas razas de perro, por ejemplo, vemos que tienen aspectos muy diferentes. Sin embargo, no hemos de olvidar que todas las razas caninas existentes tienen el mismo antepasado, el lobo gris. Desde que el lobo y el ser humano se asociaron en una relación de mutuo beneficio, hemos criado y seleccionado a los lobos hasta que se han convertido en la variedad de perros que hay en la actualidad. No ha sido la naturaleza sino nosotros los que hemos creado al perro. Lo mismo podemos decir de la vaca lechera, criada y seleccionada durante siglos a fin de obtener una variedad de animal que da cantidades extremadamente altas de leche durante periodos de lactancia muy largos, en comparación con el resto de mamíferos.

Pero ¿por qué detenernos ahí? Realmente aún podemos ir más lejos en la explotación de las enormes ventajas que la evolución nos ofrece. De hecho la podemos llevar fuera del mundo biológico, y trasladarla al mundo de las máquinas y de la tecnología.

ALFRED R. WALLACE: EL SABIO A LA SOMBRA

Alfred Russel Wallace es, sin lugar a dudas, el gran olvidado de la teoría de la evolución en el imaginario popular, eclipsado por la figura de Darwin. Nacido en Gales el 8 de enero de 1823, fue un notable naturalista, explorador y geógrafo. Wallace vivió una auténtica vida de aventuras marcada por las continuas dificultades económicas. Pese a que era abogado de formación, nunca ejerció como tal. Por el contrario, desempeñó los más variados trabajos, como los de agrimensor, profesor de cartografía o ingeniero civil del ferrocarril. Fue durante esos años cuando Wallace desarrolló y cultivó un enorme interés por la geografía, la botánica y la historia natural.

Las hazañas de un gran naturalista

En 1848 se embarcó hacia el Amazonas para recolectar insectos y animales y venderlos posteriormente en Inglaterra, dada la gran demanda del mercado del coleccionismo de su época. Este viaje duró siete años, pero durante el regreso un incendio en el barco obligó a abandonar la nave y permanecieron diez días a la deriva hasta que fueron rescatados. En este incendio Wallace perdió todo su cargamento de especímenes recolectados y solo pudo salvar sus diarios y algunos dibujos. Tras su regreso a Inglaterra volvió a realizar otro viaje al archipiélago malayo. Sus descubrimientos y aventuras fueron publicados en su obra titulada *El archipiélago malayo*. Como resultado de estos viajes, Wallace elaboró una teoría de la evolución basada en la selección natural muy similar a la de Darwin, pero de forma totalmente independiente. De hecho, fue esta circunstancia la que hizo que Darwin se decidiera a publicar su teoría, tras llegar a un acuerdo salomónico con Wallace sobre su autora. Sin embargo, Wallace, pese a sus notables contribuciones científicas, tenía un gran interés por el espiritualismo y el estudio de ciertas facultades mentales de carácter místico. Esto hizo que parte de la comunidad científica no le tuviera en gran consideración, lo que sin duda contribuyó a eclipsar su figura. Además de científico, Wallace fue un activista social muy crítico con el modelo de sociedad británica. Murió en 1913, pero no fue enterrado junto a Darwin por expreso deseo de su esposa. Como gesto de reconocimiento se colocó una medalla conmemorativa junto a la tumba de Darwin, en Westminster.



En pocas palabras, podemos crear máquinas que no sean diseñadas por el hombre, sino creadas por la evolución.

LOS ALGORITMOS EVOLUTIVOS: LA EVOLUCIÓN DE LO NO VIVO

Imaginemos por un momento que un ingeniero en telecomunicaciones se enfrenta a un reto: diseñar una antena de comunicaciones lo más eficiente posible de acuerdo con unas determinadas especificaciones técnicas. Sin duda, nuestro ingeniero recurrirá a sus conocimientos técnicos y a los métodos generales ya establecidos para el diseño de antenas. Finalmente, el resultado será más o menos óptimo en función de la habilidad del ingeniero. Sin embargo, hay otra forma de hacer las cosas. Podemos encarar este trabajo a la evolución, sin necesidad de ingenieros. Sería posible simular en un ordenador una amplia población virtual de diferentes antenas. Inicialmente, podríamos diseñar estas antenas al azar, es decir, conectando sus diferentes brazos de forma aleatoria. Esta sería la primera generación de individuos. Una vez hecho esto, el ordenador simularía cuál es el comportamiento de cada una de estas antenas tras recibir una señal. Seguramente, al no haber sido diseñadas de la forma adecuada, todas ellas funcionarían muy mal. Pero ahora introduzcamos la evolución. Como sabemos el comportamiento que queremos que tenga una antena ideal, esa que queremos diseñar, y además disponemos de la información sobre el comportamiento real de cada antena virtual simulada por el ordenador, podemos definir lo que se conoce como *función de idoneidad* o *función fitness* de cada una de las antenas virtuales. La *fitness* no es otra cosa que la diferencia entre el comportamiento deseado y el real. Cuanto más pequeña sea esta *fitness*, mejor funcionará la antena. Seguidamente se crearía la siguiente generación. La forma más fácil de hacerlo es considerar que un individuo (en este caso una antena) tiene una cierta probabilidad de morir proporcional a su *fitness*. En consecuencia, los que tienen mayor *fitness*, es decir, las antenas que funcionan peor, tendrán mayor probabilidad de ser eliminados de la población. Por lo tanto, para cada

antena virtual el ordenador selecciona un número al azar entre 0 y 1, y si este número es mayor que la probabilidad de morir de esa antena, entonces queda descartada. Llegados a este punto, la segunda generación estará formada por las antenas supervivientes de la generación anterior. Con esto se habrá implementado uno de los elementos clave de la evolución, la selección. Como la segunda generación tiene menos individuos que la primera, el ordenador duplicará algunos de estos individuos, de forma que los que tengan una *fitness* menor tendrán una mayor probabilidad de duplicarse. Este proceso se repite hasta tener un número de ejemplares igual al de la generación anterior. Pero ahora añadiremos otro ingrediente básico de los procesos evolutivos: cada vez que un individuo se duplique, introduciremos una mutación al azar en alguno de los parámetros que define a la antena. Se puede cambiar la longitud de un brazo, su orientación, eliminar un brazo existente, etc. En base a esta nueva segunda generación, se vuelve a evaluar la función *fitness* de cada uno de ellos y de nuevo se repite todo el proceso iterativamente. Aquellos individuos que acumulen mutaciones beneficiosas tendrán mayor posibilidad de pasar a la siguiente generación.

Este algoritmo computacional imita el proceso evolutivo de un sistema con replicación no sexual, como es el caso de las bacterias. Tras un número suficientemente alto de generaciones aparecerán diseños de antenas con un comportamiento cada vez más cercano al deseado.

Todo este proceso descrito ha sido aplicado al diseño de antenas reales. Con él se han obtenido diseños extremadamente óptimos. Lo más sorprendente (véase la fotografía de la pág. 109) es que la arquitectura de las antenas resultantes no tiene nada que ver con lo que podría haber diseñado un ingeniero.

A este conjunto de reglas o pasos iterativos que se siguen en la resolución de un problema, imitando a la evolución natural, se les denomina *algoritmos evolutivos*. Sin duda existen versiones mucho más elaboradas. Por ejemplo, sería posible introducir el concepto de reproducción sexual. Bastaría considerar que las características de los individuos vienen descritas por una lista de ciertos parámetros. Por ejemplo, en el caso de las antenas

podría ser el número de brazos, su longitud u orientación. Esta lista de parámetros define lo que puede considerarse como un genoma virtual. Cuando deseamos crear una nueva generación de individuos a partir de la anterior, podemos coger parejas de ellos y crear un nuevo individuo formado por una mezcla del genoma de los progenitores, o dicho de otro modo, crear una nueva lista de características del individuo coplando algunas de las del primer progenitor y el resto, de las del segundo. En general, la introducción de la reproducción sexual en los algoritmos evolutivos suele ser una rica fuente de diversidad y, por tanto, hace que estos sean más eficientes.

De hecho, la resolución de problemas mediante el uso de algoritmos evolutivos resulta muy eficiente por varias razones. Por un lado, el tener una población formada por múltiples individuos hace que se exploren simultáneamente muchas soluciones potenciales al problema en paralelo (una por cada individuo de la población). A esto hay que sumar el cruzamiento. Cada individuo por separado representa una posible solución al problema que evoluciona individualmente. Pero si la información de estos individuos se cruza, imitando la replicación sexual en la naturaleza, lo que se consigue es combinar posibles soluciones en una solución mejor, haciendo que el proceso sea más rápido y eficiente. El hecho de que los algoritmos evolutivos no sepan nada del problema que deben resolver hace que partan desde un escenario sin restricciones, donde todas las soluciones son potencialmente posibles. Esta «mentalidad abierta» de los algoritmos evolutivos hace que puedan encontrar soluciones que difícilmente serían halladas de forma racional.

Sin embargo, no es tan sencillo implementar un algoritmo genético para resolver un problema complejo. En el diseño del algoritmo hay una serie de elementos que deben ser cuidadosamente considerados. La correcta definición de una función de *fitness* es una pieza clave del sistema, y no siempre es sencillo definir esta función. Además, el tamaño de la población y la tasa de mutación son factores determinantes. Tasas de mutación demasiado bajas harán el proceso tremendamente lento, mientras que tasas de mutación muy elevadas pueden llevar a la población



En la imagen se presenta un ejemplo de una antena real obtenida por evolución. Como puede observarse, el diseño no es nada convencional.

a lo que se conoce como la «catástrofe de error». La catástrofe de error es un fenómeno por el cual una tasa de mutación excesivamente alta lleva a la extinción de una especie.

En realidad, en la naturaleza, los seres vivos también se enfrentan a dificultades similares. Si el tamaño de una población cae hacia un valor muy bajo, los ritmos de mutación son muy altos o la presión selectiva es demasiado fuerte, como por ejemplo en el caso de un cambio ambiental drástico, entonces la especie puede extinguirse.

En cualquier caso, desde sus inicios en los años cincuenta del pasado siglo, los algoritmos evolutivos han sido una continua fuente de sorpresas, resolviendo problemas de las formas más inesperadas. Esto nos hace pensar que hay un universo de posibilidades más allá de lo que la mente humana puede abarcar de forma racional.

Reprogramando la vida

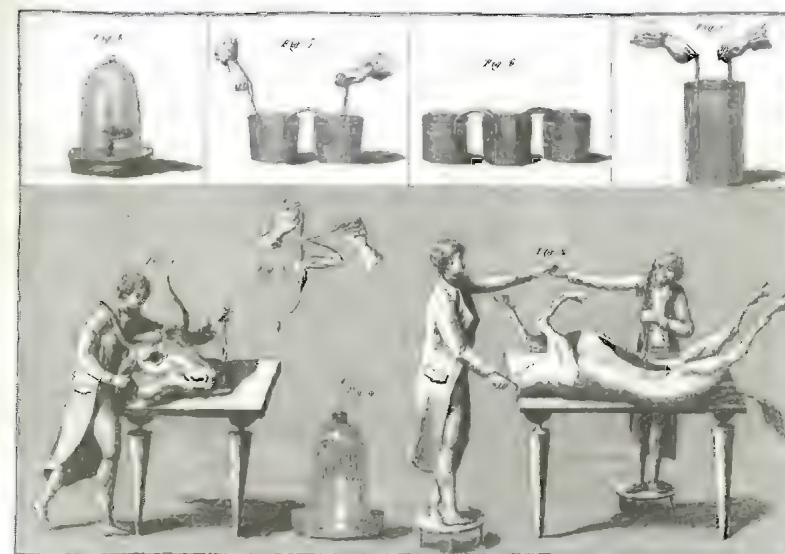
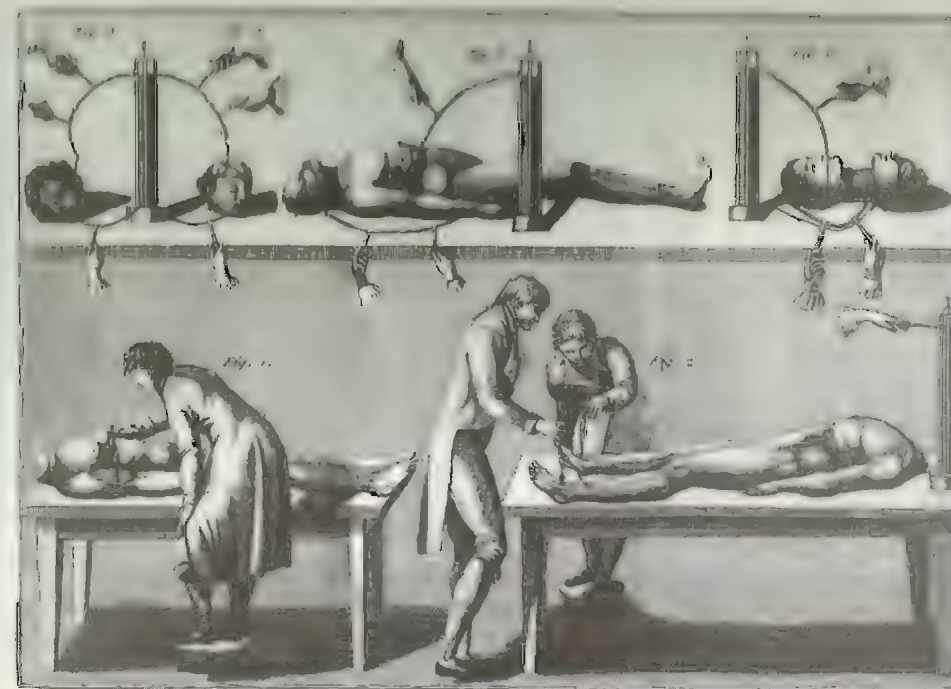
La vida es un fenómeno extraordinariamente complejo, tanto que ni siquiera sabemos cómo generarla a partir de sus componentes no vivos. Lo que ya empezamos a saber es cómo programar nuevas funciones en los organismos vivos. Sin duda, el siglo XXI alumbrará avances revolucionarios en el campo de la biología.

Si comparamos el genoma de algunas bacterias, que contiene entre 4 000 y 5 000 genes, con el del ser humano y sus aproximadamente 20 000 genes, lo primero que sorprende es que la diferencia no es tan grande. Estamos hablando de un genoma tan solo cinco veces mayor. Sin embargo, es evidente que un ser humano presenta una complejidad muchísimo mayor que la de una bacteria. Quizá superior a un factor cinco. ¿Dónde reside la complejidad de un organismo? Parece claro que no es únicamente cuestión del número de genes. En realidad gran parte de la complejidad de un organismo reside en la red de interacciones entre sus genes y otros elementos. Es decir, no es tanto una cuestión de cuántos genes hay sino de cómo interactúan entre sí. Fijémonos en que la combinatoria de posibles interacciones crece exponencialmente con el número de elementos. En realidad, el genoma en sí mismo constituye una auténtica red compleja. En este escenario una pequeña modificación en el genoma, por ejemplo la eliminación de un gen o la introducción de uno nuevo, puede tener un enorme impacto en el conjunto. Esto abre la puerta a un nuevo mundo de posibilidades donde los organismos vivos pueden ser reprogramados mediante cambios relativamente pequeños en su genoma.

Este es el campo de trabajo de una nueva disciplina a caballo entre la biología y la ingeniería: se trata de la *biología sintética*. Su objetivo es la creación de nuevas formas de vida que tengan algún tipo de utilidad. Esto no es nuevo, ya hemos visto que, desde que el hombre habita el mundo, ha moldeado la vida que le rodea para satisfacer sus necesidades. Pero para conseguirlo ha sido necesario dirigir la evolución imponiendo unos criterios de selección que se ajustasen a las necesidades humanas. El coste de estos procesos en tiempo se mide en siglos. Ahora todo puede ser más rápido. El aspecto más destacable de la biología sintética es que, por primera vez en la historia, es posible saltarse la evolución y crear nuevos organismos de forma racional, como si de una máquina se tratase. Lo más fascinante es que los componentes de estas máquinas son piezas vivas. Y esto se puede hacer en una escala de tiempo infinitamente menor.

La inquietud de nuestra especie por moldear y crear nuevas formas de vida viene de antiguo. Sin duda, la referencia más célebre es la del doctor Víctor Frankenstein. En su novela *Frankenstein o el moderno Prometeo*, publicada en 1818, la escritora británica Mary Shelley plantea la historia de cómo el doctor Frankenstein es capaz de crear una nueva forma de vida, su famoso «monstruo», mediante la adecuada combinación de piezas procedentes de otros organismos. De hecho, en los tiempos en que Mary Shelley escribió su obra existía una gran inquietud en los ambientes científicos e intelectuales sobre la posibilidad de crear vida. En aquella época el médico y fisiólogo italiano Luigi Galvani (1737-1798) realizó los primeros experimentos de inducción de respuestas en cadáveres mediante la aplicación de corrientes eléctricas, como puede verse en los grabados de la página contigua. En una mezcla de experimento científico y atracción de feria, ya que en muchas ocasiones se realizaban ante un público, se aplicaban corrientes a partes de un cadáver, consiguiendo que, por ejemplo, una cabeza abriese los ojos o un cuerpo decapitado se incorporase de la camilla donde estaba tendido.

Hoy en día los recientes avances en biología molecular y genética permiten la creación de nuevas formas de vida a partir



Grabados del físico Giovanni Aldini mostrando los experimentos que realizó tanto en cadáveres humanos como de animales (siglo xviii).

EL DESCUBRIMIENTO DEL ADN

Es difícil imaginar cómo era la vida antes del descubrimiento del ácido desoxirribonucleico (ADN), el principal componente de la información biológica. Hasta mediados del siglo XX se suponía que la vida estaba constituida por un organismo que, al morir, dejaba tras de sí una estructura rígida y permanente. Pero, gracias al avance científico, se descubrió que el ADN es una molécula dinámica, capaz de combinarse y descomponerse en sus componentes, lo que le permite almacenar y transmitir información genética.

Descubriendo el núcleo celular

Los primeros estudios que llevaron al descubrimiento del ADN se realizaron en 1858, cuando el biólogo alemán Matthias Schleiden consiguió aislar por primera vez el núcleo de una célula. En 1870, el biólogo alemán Richard Altmann las identificó como ácidos nucleicos. En 1914, el químico francés Robert Bragg creó un nuevo método para tinter las moléculas de ADN y hacerlas visibles, lo que le permitió descubrir que el ADN se encuentra en el núcleo de todas las células. Posteriormente, en los años veinte, el bioquímico estadounidense de origen lituano



Francis Crick (segundo por la izquierda) y James Watson (derecha) tras la ceremonia de entrega de los premios Nobel, que les fueron otorgados por el descubrimiento de la estructura molecular de los ácidos nucleicos.



Reproducción de la maqueta original de la molécula de ADN creada por Watson y Crick.

Elbio A. Levene analizó los componentes del ADN, descubriendo que estaba formado por la combinación de únicamente cuatro moléculas distintas: citosina (C), timina (T), adenina (A) y guanina (G).

La estructura de la vida

Sin embargo, el avance fundamental tuvo lugar en 1953, con la publicación en la revista *Nature* de un artículo firmado por dos biólogos moleculares, el estadounidense James Watson y el británico Francis Crick. En este trabajo los autores describían, de forma muy «prudente», sus descubrimientos con estas palabras: «Deseamos sugerir una estructura para la sal del ácido desoxirribonucleico (ADN). Esta estructura posee nuevas características que son de considerable interés biológico». En este trabajo trascendental, realizado con la colaboración esencial de la química y cristalógrafa inglesa Rosalind Franklin, desvelaron la estructura de la doble hélice de la molécula del ácido desoxirribonucleico y plantearon los principios básicos de almacenamiento de la información genética y su transmisión hereditaria. Este descubrimiento, que les valió el premio Nobel de Medicina en 1962, fue el inicio de la actual revolución en los campos de la biología, la biotecnología y la biomedicina.

de la combinación de piezas o componentes procedentes de otros organismos. La única diferencia reside en el hecho de que las piezas que se combinan son genes en lugar de brazos o piernas, pero conceptualmente se trata de lo mismo. Para conseguir este fin son necesarios no solo

¡Qué extraña cosa el conocimiento!
Una vez que ha penetrado en la mente, se aferra a ella como una hiedra.

EL MONSTRUO EN FRANKENSTEIN O EL MODERNO
PROMETEO, DE MARY SHELLEY

amplios conocimientos de biología, sino que también se precisa la aplicación de principios propios de la ingeniería en el diseño de nuevas redes de interacción entre genes. Mediante el uso de modelos matemáticos y técnicas computacionales es posible predecir el comportamiento

de los nuevos organismos antes de su construcción.

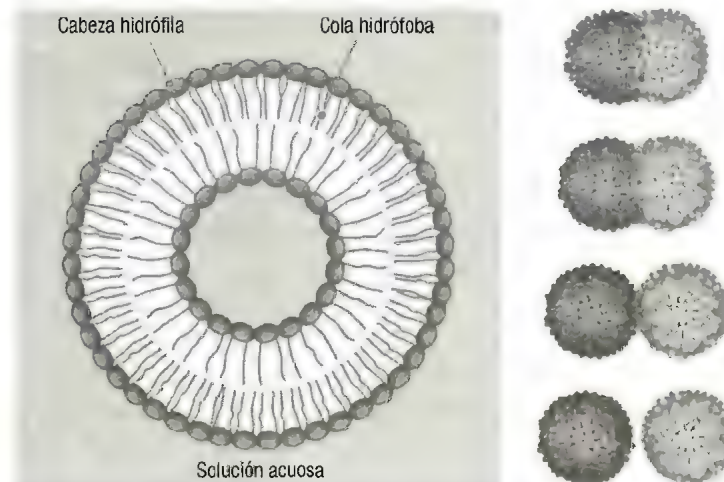
Cuando hablamos de crear nuevas formas de vida disponemos básicamente de dos opciones. La primera consistiría en crear un sistema vivo mediante la combinación de los elementos mínimos necesarios. Es decir, se trataría de crear vida a partir de componentes que no lo están. Esta es la denominada aproximación de «abajo arriba» o *bottom-up*. Una segunda opción, opuesta, sería la de crear nuevas formas de vida «al estilo Frankenstein», es decir, mediante la combinación de partes que ya estaban previamente vivas. Esta es la denominada aproximación de «arriba abajo» o *top-down*.

DE LO INERTE A LA VIDA: LA APROXIMACIÓN *BOTTOM-UP*

En este punto de partida el objetivo es conseguir la transición de lo no vivo, en general compuestos químicos, a lo vivo. Para ello necesitamos una definición clara de qué entendemos por vida. En su acepción más amplia podemos decir que algo está vivo si es capaz de reproducirse, automantenerse y evolucionar. Esta estructura mínima que podríamos definir como viva recibe el nombre de protocélula. Desde hace años, muchos grupos y laboratorios de investigación están trabajando en esta aproximación. Pese a que hasta la fecha aún no se ha logrado plenamente la creación

de vida sintética, los resultados preliminares son muy prometedores. En general, todas las aproximaciones exploradas coinciden en la necesidad de crear un compartimento o contenedor que, como en el caso de la membrana celular, separe el medio exterior del medio interior de la protocélula. La opción más simple es la creación de este contenedor mediante el uso de vesículas, unas estructuras que se forman espontáneamente cuando se depositan moléculas lipídicas, similares a las que forman las membranas celulares naturales, en un medio acuoso. Las moléculas lipídicas se caracterizan por tener una parte hidrófila, es decir, que tiene afinidad por el agua, y otra hidrófoba, a la que no le gusta estar en contacto con ella. A fin de minimizar el contacto con el agua de la parte hidrófoba, las moléculas se pueden organizar espontáneamente formando estructuras de doble capa (figura 1). En la zona interior de la capa se encuentran las partes hidrófobas, mientras

FIG. 1



A la izquierda se muestra la estructura general de una vesícula formada por una doble capa de moléculas lipídicas. Las cabezas hidrófilas se orientan hacia el agua, mientras que las colas interiores, que son hidrófobas, minimizan su contacto con el agua manteniéndose en la parte interior de la estructura. A la derecha se muestra una representación del proceso de división de una vesícula.

que en la parte exterior están las partes hidrófilas. Estas estructuras son las vesículas. Ya tenemos la primera parte de la protocélula. Si en un medio acuoso donde hay vesículas en suspensión se añaden más moléculas lipídicas, de forma espontánea estas se incorporan a las vesículas existentes haciéndolas crecer. Pero el mantenimiento de una estructura ordenada, como es una vesícula, tiene un coste energético, mayor cuanto más grande sea su tamaño. Cuando las vesículas alcanzan un cierto tamaño crítico sale más rentable, desde un punto de vista energético, dividirse en dos (figura 1, derecha). Este proceso también ocurre de forma espontánea. Ya tenemos el sistema de replicación.

Pero para que realmente podamos hablar de vida, el sistema debe automantenerse. Por lo tanto, los lípidos no deben ser añadidos externamente, sino que debe ser la propia protocélula quien los cree mediante algún tipo de reacción química a partir de ciertas moléculas precursoras que existan en el medio. Estas moléculas precursoras jugarían el papel de los nutrientes, mientras que las reacciones de síntesis de lípidos serían equivalentes a un protometabolismo, que debería tener lugar solo en el interior de la vesícula. Con esto conseguiríamos un sistema automantenido con capacidad de duplicación. Diferentes laboratorios de investigación han conseguido llegar hasta este punto, a partir del cual ya solo es necesario que el sistema pueda evolucionar.

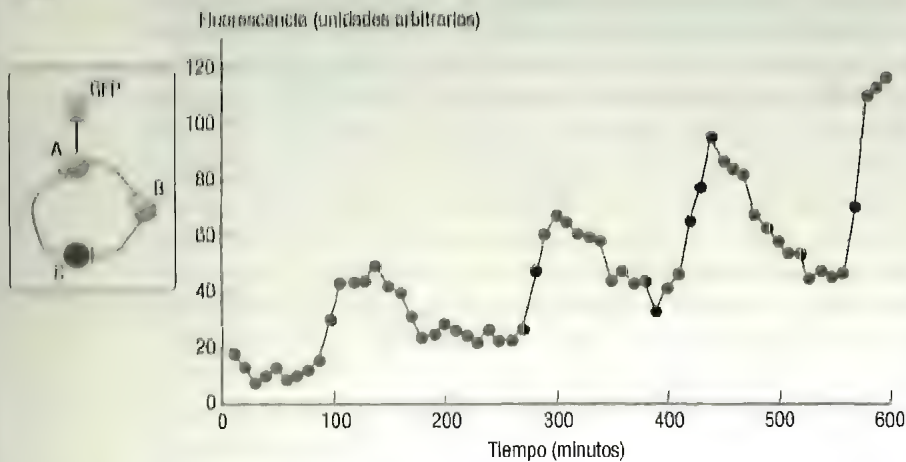
Y aquí la cosa ya no es tan simple. Para conseguir el tercer ingrediente de la vida necesitamos un protogenoma que, de alguna forma, contenga información y que esta información pueda evolucionar. Pese a que en la actualidad aún no se ha conseguido un sistema con dicha capacidad, los avances en esta dirección están siendo muy prometedores. Quizá en los próximos años asistamos al nacimiento de una nueva forma de vida creada por el ser humano.

ENSAMBLANDO PIEZAS «VIVAS»: LA APROXIMACIÓN *TOP-DOWN*

La segunda aproximación de la biología sintética se basa en la combinación de piezas procedentes de organismos vivos. La pri-

mera cuestión que debe resolverse es la de la compatibilidad. ¿Pueden componentes de un organismo funcionar correctamente en otro? Por ejemplo, ¿es posible expresar un gen humano en una bacteria? Sorprendentemente, en muchas ocasiones la respuesta es sí. Ciertamente, los genes deben optimizarse para adecuarse al organismo que los va a recibir, pero lo cierto es que existe la posibilidad de combinar genes de especies muy distintas. Es gracias a esta universalidad de los códigos genéticos, escritos con un alfabeto de solo cuatro moléculas, A, T, C y G, que podemos fabricar insulina humana en células bacterianas o en levaduras, o que disponemos de levaduras capaces de producir compuestos que se encuentran de forma natural en las plantas, sin que en realidad las necesitemos.

Pero la creación de nuevos organismos vivos en los que podamos programar alguna función de interés requiere mucho más que expresar unos genes. Es necesario construir verdaderos circuitos genéticos donde unos genes regulen a otros, de una forma predefinida, a fin de conseguir el objetivo deseado. Necesitamos «circuitos genéticos». Por circuito genético entendemos un dispositivo que involucra diversos genes, ya sean propios o procedentes de otros organismos, que codifican ciertas proteínas, y donde la expresión de estos genes, y por tanto la síntesis de las proteínas que codifican, no es independiente. En general, la expresión de un gen puede estar regulada, activada o reprimida por la proteína codificada en otro gen del circuito. Esta interrelación es lo que da al circuito genético su funcionalidad. Para ilustrar esta idea de circuito genético podemos analizar un ejemplo sencillo. Supongamos un circuito formado por tres genes, el gen *a*, el *b* y el *c*. Imaginemos que el gen *a* codifica la proteína A y que esta puede unirse al gen *b* bloqueándolo. Es decir, si hay proteína A no podemos expresar el gen *b* que produce la proteína B. Del mismo modo, supongamos que la proteína B bloquea al gen *c* y que la proteína C bloquea al gen *a*, creando un sistema circular de interacciones (figura 2). ¿Cómo se comportaría un circuito genético de estas características? Al introducir este sistema en una célula, una bacteria, por ejemplo, inicialmente se comenzarían a expresar las tres proteínas A, B y C simultáneamente. Como las



En la zona de la izquierda se muestra la arquitectura general de Interacciones del circuito genético denominado *repressilator*. En la construcción experimental de este circuito genético se utilizaron tres genes, el gen *tetR* (A), el gen *lacI* (B) y el gen *cl* (C). Mientras que los dos primeros son de origen bacteriano, el tercero es propio del virus bacteriófago fago-lambda. A fin de visualizar el comportamiento de este circuito, se introdujo una proteína verde fluorescente (GFP) cuya síntesis está reprimida por la proteína *tetR*. A la derecha se muestran los niveles de fluorescencia verde producidos por la expresión de la proteína *reporter* GFP. Como se observa, el comportamiento del circuito es un oscilador, tal y como era de esperar, a partir del diseño previo de las regulaciones genéticas.

proteínas no son idénticas, no se fabrican en la misma cantidad ni tienen el mismo tiempo de vida media. Supongamos que inicialmente se fabrican más proteínas de A que del resto. Cuando alcancen un cierto nivel, la producción de B quedará bloqueada y las proteínas B ya existentes se irán degradando con el tiempo. Esta degradación combinada con el hecho de no crear nuevas proteínas B, hará que la concentración de B acabe disminuyendo significativamente. Pero no olvidemos que B bloqueaba a C. Si B desaparece, las concentraciones de C crecerán rápidamente. Como C bloquea a A, al subir C las concentraciones de A bajarán, esto liberará a B, cuya concentración aumentará de nuevo bloqueando a C, que disminuirá. Y así sucesivamente. El resultado será un comportamiento oscilatorio, donde las concentraciones

de las proteínas aumentarán y disminuirán periódicamente. En teoría, este circuito se debería comportar como un oscilador. Sin embargo, a la hora de construir un circuito genético como el descrito anteriormente, es necesario resolver un problema que puede parecer trivial, pero que no lo es: ¿cómo saber si el circuito funciona o no? Afortunadamente, la universalidad de los códigos genéticos nos da la solución. En general, para verificar el correcto funcionamiento de un circuito genético se suele utilizar lo que se conoce como una proteína *reporter*. Comúnmente se suele introducir en el circuito un gen adicional que codifica una proteína fluorescente. La más utilizada es la proteína verde fluorescente (o GFP, por sus siglas en inglés, *green fluorescent protein*), producida por la medusa conocida como gelatina de cristal (*Aequorea victoria*) que emite fluorescencia en la zona verde del espectro visible. Su hallazgo y desarrollo fue galardonado con el premio Nobel de Química en 2008 para sus descubridores, los investigadores estadounidenses Martin Chalfie y Roger Y. Tsien y el japonés Osamu Shimomura. El gran interés de esta proteína es que su fluorescencia es fácilmente visible al microscopio y el gen que la codifica, aunque proceda de una medusa, puede expresarse en multitud de organismos diferentes, como bacterias, levaduras o células humanas.

En consecuencia, incorporándola al circuito genético es posible ver, de forma literal, si el circuito funciona (expresa la proteína GFP) o no. Es la misma idea que se aplica a los circuitos eléctricos. Si deseamos saber si en un cierto punto llega o no la electricidad, simplemente podemos conectar una bombilla al circuito. Si se enciende, la corriente llega. La proteína GFP juega el papel de una «bombilla biológica».

Así, volviendo a nuestro ejemplo, podemos añadir una GFP al circuito oscilador de modo que su expresión sea también bloqueada por A. Si las concentraciones de A oscilan a lo largo del tiempo, también lo hará la fluorescencia verde (de forma opuesta a A).

En el año 2000 este sistema fue construido experimentalmente por el biólogo estadounidense Michael Elowitz y sus colaboradores, y se conoce como circuito *repressilator*. En la figura 2 se muestran los niveles de GFP medidos experimentalmente. Como

se puede ver, el circuito oscila como estaba previsto en su diseño inicial.

Pero ¿cómo se diseña un circuito genético? Esta es sin lugar a dudas la pregunta más difícil de responder. Si nos fijamos en el mundo de la electrónica, vemos que actualmente los ingenieros son capaces de diseñar circuitos extremadamente complejos. No deja de sorprender que haya más tecnología en un teléfono móvil que en la cápsula del Apolo XI que llegó a la Luna. El diseño de estos complejos sistemas electrónicos no depende de la habilidad personal del ingeniero responsable, sino que hay una serie de metodologías bien estandarizadas que se utilizan. Lógicamente, lo más sensato es mirar si las técnicas estándar de diseño que se aplican en electrónica también son utilizables en biología. Y afortunadamente la respuesta inicial fue que esto es posible en muchos casos. En el fondo, y con independencia de que usemos transistores y resistencias o genes y proteínas, la lógica que se sigue en el diseño de los circuitos electrónicos es general y puede también ser aplicada a los circuitos genéticos. Conceptualmente podemos establecer una correspondencia entre componentes electrónicos y genéticos, como se muestra de manera resumida en la imagen de las págs. 126-127.

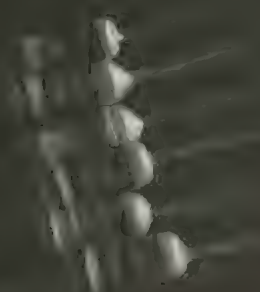
Pero si seguimos haciendo paralelismos entre la evolución de la tecnología electrónica y la biológica, rápidamente nos percatamos de que las cosas no son tan similares como en un principio parecía. En efecto, el desarrollo de los primeros circuitos genéticos basados en replicar en sistemas celulares las mismas arquitecturas utilizadas en los circuitos electrónicos dio unos frutos muy prometedores. Entre los años 2000 y 2005 el avance fue sorprendente, igual que ocurrió con la tecnología electrónica entre los años 50 y 70 del siglo pasado. Pero de pronto el avance de la circuitería biológica se detuvo. Mientras que los dispositivos electrónicos evolucionaron desde un primer chip que contenía un solo transistor en los años 50 a los más de 500 millones de transistores en los circuitos actuales, los circuitos genéticos no consiguen pasar de 7 u 8 genes. ¿Por qué se ha llegado a este techo? La respuesta debe buscarse en la naturaleza intrínseca de los componentes utilizados para construir los

circuitos genéticos. Los genes, las proteínas y otros elementos bioquímicos necesarios tienen unas singularidades que no están presentes en sus equivalentes electrónicos. En 2010 la periodista científica Roberta Kwok publicó en la revista *Nature* un artículo titulado «Cinco duras verdades de la biología sintética», donde señalaba claramente las actuales limitaciones. Básicamente, se deben al desconocimiento de muchas de las piezas genéticas que se utilizan. En ocasiones se utilizan genes u otros componentes de diferentes organismos sin saber con detalle cómo funcionan. Esto hace que se puedan crear interacciones no deseadas con la maquinaria propia de la célula donde se está montando el circuito. A esto hay que sumar el efecto de lo que se conoce como carga metabólica adicional. La evolución ha generado organismos diseñados para sobrevivir. A este fin dedican todos sus recursos energéticos. Si además de las funciones necesarias para la supervivencia se les añaden circuitos externos que deben hacer funcionar, puede ocurrir que las células no tengan suficiente energía para atender a todo lo que se les pide. En consecuencia, las células experimentan un proceso de sobresaturación que hace que nada funcione bien. Este problema puede ser especialmente grave en células pequeñas, como los circuitos construidos en bacterias. Las células eucariotas en general pueden soportar mejor esta sobrecarga de trabajo.

Pero por encima de todas estas limitaciones hay una que puede parecer una trivialidad, pero realmente no lo es. Es lo que se conoce como el «problema del cableado» o, en inglés, *wiring problem*. Construir un circuito, tanto en electrónica como en biología, requiere utilizar un conjunto de piezas que deben estar correctamente conectadas entre sí. En los circuitos electrónicos esto es muy fácil de conseguir. Todos los cables son idénticos, piezas de material conductor (cobre, por ejemplo). El único requisito es que no se crucen, lo cual es fácil de hacer, dado que los cables están físicamente separados unos de otros. Sin embargo, dentro del entorno de una célula cada conexión debe estar implementada por un elemento bioquímico. Por ejemplo, la conexión entre dos genes puede hacerse mediante una proteína. El primer gen produce esta proteína, la cual activa o reprime, según

Muestra que el diseño de los dispositivos electrónicos es fruto de una concepción racional por parte de los ingenieros. La arquitectura de los sistemas biológicos es el resultado de un proceso evolutivo (o supervivencia). A pesar de estos orígenes tan dispares, es fácil observar la existencia de una correspondencia entre unos y otros. Esto nos hace sospechar que quizá estas similitudes no sean casuales, sino el resultado de un proceso de optimización en el que tanto ingenieros como evolucion

COMPONENTES



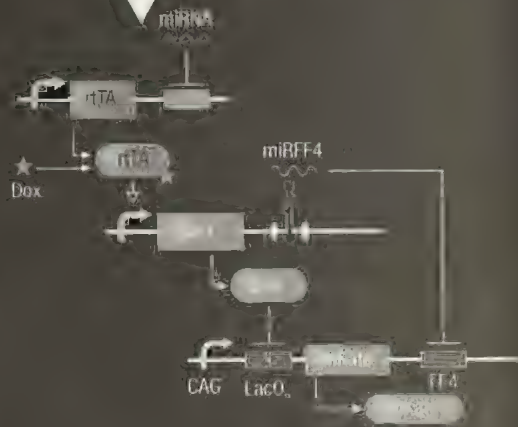
GENES



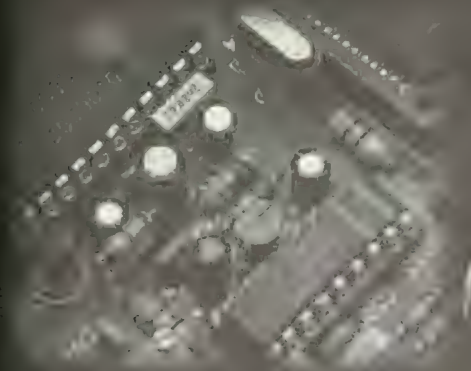
CIRCUITOS



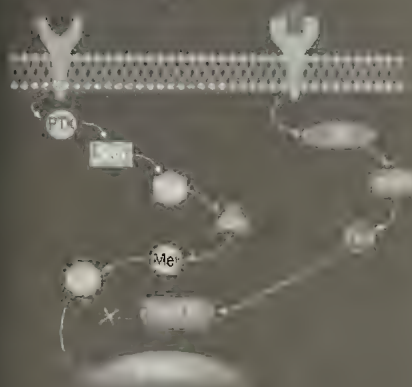
REGULACIONES ENTRE GENES



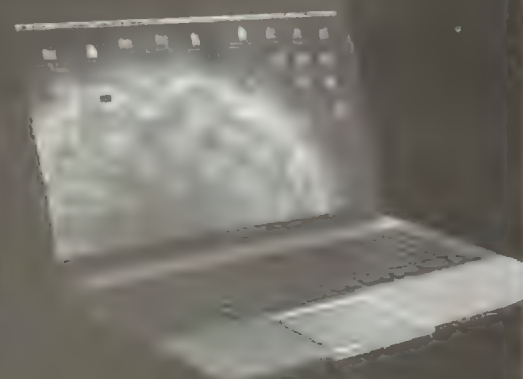
MÓDULOS



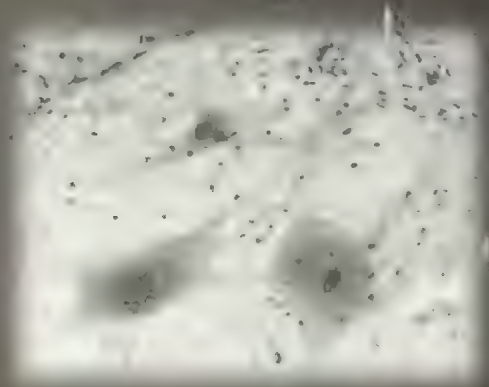
RUTAS BIOLÓGICAS



COMPUTADORAS



CÉLULAS



han convergido en adicciones optativas comunes en ambos ámbitos. Gracias a esta correspondencia entre el mundo de la electrónica y el mundo biológico, una gran fuente de inspiración para el desarrollo de sistemas biológicos diseñados por el hombre, es el marco de la nueva biología sintética. Pero también la tecnología se beneficia de esta relación, abriendo la puerta a la creación de nuevos diseños tecnológicos bio-inspirados.

sea el circuito, al segundo gen. Esta proteína interpreta el papel de «cable conector» entre dos partes del circuito. Aquí, de igual modo que en electrónica, las conexiones deben estar separadas, pero como dentro de la célula todo está mezclado, esta no puede ser una separación física. Por lo tanto, la única solución es que cada conexión esté implementada por una proteína diferente. Y esto es un gran problema. El número de proteínas que podemos añadir a una célula para que actúen como sistemas de conexión sin generar problemas es muy limitado. Y lógicamente, con pocos «cables» no se pueden hacer circuitos complicados.

A fin de solucionar estos problemas, diversos laboratorios de investigación están explorando otras formas de hacer estos circuitos genéticos. Una posible solución consiste en repartir el circuito entre diferentes células, de forma que dentro de cada una de ellas haya solo una parte del circuito y que cuando todas se junten, se obtenga el circuito completo. Como el circuito está formado por distintos módulos ubicados en células distintas, podemos usar las mismas proteínas para implementar las conexiones internas de cada módulo sin que haya cruzamientos. A cambio, este sistema necesita que las células se conecten entre sí a fin de configurar el circuito completo. Afortunadamente esto es posible gracias a que las células pueden secretar pequeñas moléculas al medio exterior que pueden ser detectadas por otras células, creando un sistema de comunicación celular. Esta forma de plantear el desarrollo de circuitos celulares ha dado unos primeros resultados muy prometedores. Los últimos circuitos implementados han alcanzado un nivel de complejidad no conseguida antes, sin necesidad de incrementar mucho el número de piezas y «cables». Sin embargo, para diseñar eficientemente circuitos con estas características, lo que se denomina «circuitos multicelulares», ya no sirven las reglas estándar de diseño que tan buenos resultados han dado en electrónica. Se hace necesario desarrollar una nueva tecnología y un nuevo marco teórico, que ahora mismo aún está dando sus primeros pasos. En palabras de Luis Serrano, director del Centro de Regulación Genómica (CRG), «todavía estamos como los hermanos Wright, uniendo piezas de papel y madera» para construir los primeros aviones.

EL FUTURO DE LA BIOLOGÍA SINTÉTICA

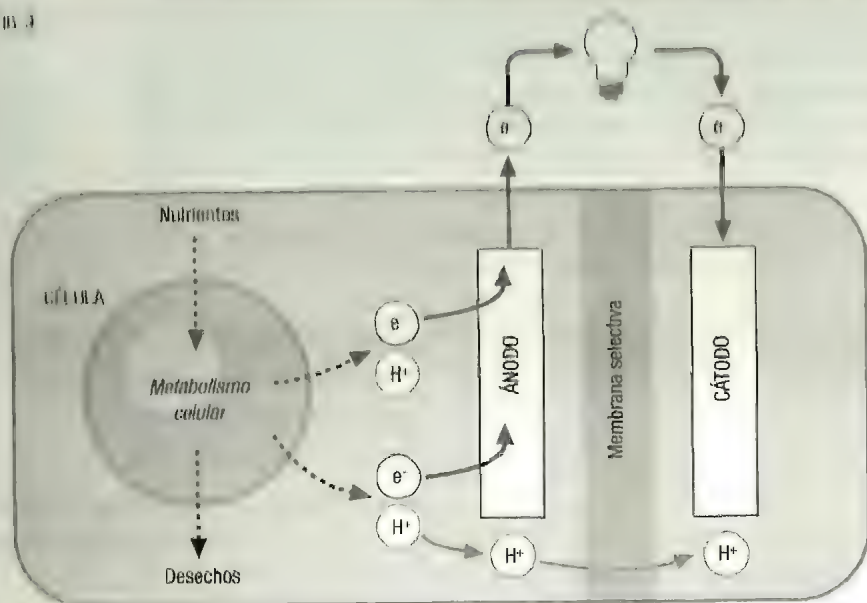
A nadie se le escapa que las posibilidades que la nueva biología sintética ofrece son enormes. Nos plantea la posibilidad de crear nuevos organismos y formas de vida que puedan ser útiles en el tratamiento de enfermedades, en aplicaciones industriales o para tratamientos medioambientales. Una vez libres del corsé que la evolución imponía como única vía para modelar la vida, ahora el límite solo lo marca la imaginación.

Actualmente se han construido nuevos organismos capaces de realizar tareas sorprendentes. Un ejemplo realmente interesante es el uso de bacterias modificadas para producir electricidad. El continuo incremento del uso de los combustibles fósiles ha disparado una crisis energética y medioambiental de ámbito global.

Hasta ahora el compromiso energético de la microbiología ambiental se había dirigido a optimizar la producción de hidrógeno, aprovechar el metano generado en los tratamientos de aguas residuales o generar biocombustibles como el etanol o el biodiésel. Sin embargo, recientemente se está explorando el uso de bacterias, en especial la bacteria marina de la especie *Shewanella oneidensis*, capaces de convertir energía química en eléctrica. Como resultado de estas investigaciones, ya se han construido las denominadas células de combustible microbianas (*Microbial Fuel Cell*, MFC; figura 3). Las MFC, auténticas biopilas, emplean las bacterias para oxidar el combustible, que es materia orgánica. Fruto de este proceso químico-metabólico se separan las cargas positivas (protones) de las negativas (electrones). Estos electrones se transfieren a un electrodo (ánodo), que está conectado a otro electrodo (cátodo) mediante un material conductor que contiene una resistencia. Mientras que los electrones generados por las bacterias pasan de una cámara a la otra a través de la resistencia exterior, donde se colocará el circuito que se desee conectar a esta pila, las cargas positivas pasan de la cámara don-

Quien no haya experimentado la seducción que la ciencia ejerce sobre una persona, jamás comprenderá su tiranía.

VÍCTOR FRANKSTEIN EN *FRANKSTEIN O EL MODERNO PROMETEO*, DE MARY SHELLEY



Arquitectura esquemática de una biopila (MFC). Consta de dos cámaras: en la de la izquierda se encuentra el cultivo bacteriano capaz de liberar protones (H^+) y electrones (e^-); los protones pasan a la cámara de la derecha a través de la membrana que las separa, mientras que los electrones son colectados en el ánodo y pasan al cátodo de la cámara derecha a través de un circuito externo donde se coloca una bombilla (o cualquier otro dispositivo que se desee activar).



La mutación genética provoca que las hojas permanezcan siempre verdes

Solo se tornan rojas cuando las raíces de la planta detectan la sustancia explosiva

La planta *Arabidopsis thaliana* ha sido modificada genéticamente de tal modo que cuando sus raíces entran en contacto con los compuestos explosivos de las minas antipersona, sus hojas cambian de color.

de se han generado a la otra a través de una membrana especial que solo permite el paso de protones, cerrándose así el circuito. Sin duda alguna, la gran ventaja de estos sistemas reside en el tipo de combustible necesario. Las bacterias obtienen su energía de la materia orgánica, pero no son muy exigentes en este sentido. En general, la materia orgánica de desecho es un excelente combustible para estas pilas.

Otro ejemplo de aplicaciones de la biología sintética lo encontramos en una original y muy interesante iniciativa desarrollada por investigadores daneses con el soporte de la firma danesa Aresa Biodetection. La idea es utilizar una variedad modificada genéticamente de la planta *Arabidopsis thaliana*, capaz de detectar la presencia de minas terrestres en el suelo donde crecen. Cuando esta planta modificada crece en un suelo donde hay enterradas minas antipersona, las raíces que están en contacto con estos explosivos absorben determinados compuestos químicos. En respuesta a su presencia, la planta puede modificar su color de verde a rojo (figura 4). Adicionalmente, a fin de limitar la expansión no controlada de este nuevo organismo modificado genéticamente, se ha inhibido la producción de la hormona del crecimiento. Esto reduce notablemente el riesgo de expansión de estas plantas transgénicas por el entorno cercano donde se cultivan.

Pero toda moneda tiene su cara y su cruz. La manipulación y la creación de nuevas formas de vida da lugar también a la aparición de nuevos problemas bioéticos que deben ser abordados. ¿Hasta dónde es lícito llegar en la reprogramación de la vida? Si bien es cierto que no todo vale para conseguir el avance de la ciencia, las limitaciones culturales o de credo tampoco deben ser un obstáculo insalvable en el progreso. Hay que encontrar el punto de equilibrio, sin lugar a dudas la posición más complicada de mantener. Afortunadamente, la implicación y compromiso de la comunidad científica internacional con los aspectos bioéticos que el avance de la ciencia puede conllevar es máximo.

Cerebros naturales y artificiales: el paradigma de la complejidad

El cerebro es el máximo exponente de la complejidad. Una amplia red de neuronas aborda las tareas más difíciles, creativas y sorprendentes. Pero... ¿dónde residen el conocimiento, la memoria o las emociones? ¿Cómo se almacena la información? ¿Se puede crear una inteligencia artificial equiparable, o incluso superior, a la nuestra?

¿Qué nos hace como somos? ¿Somos nuestro cerebro? Definir qué es un ser humano no es tarea fácil. Todos somos fruto de una compleja combinación de genética, educación, experiencias vitales, sentimientos, etc. Pese a que todavía no somos capaces de entender en su totalidad la complejidad que nos caracteriza, sí parece claro que esta se halla en un órgano concreto: el cerebro. Podemos hacer esta afirmación en base a datos empíricos. Si un ser humano sufre una lesión en una parte de su cuerpo, como la amputación de una extremidad, o una hepatitis en el hígado, en esencia sigue siendo la misma persona. Conserva sus recuerdos, sus conocimientos, sus afectos y fobias y, en general, todo aquello que la hace como es. Sin embargo, si el daño tiene lugar en el cerebro, la persona puede cambiar radicalmente, hasta el extremo de convertirse en otra totalmente diferente. Las lesiones cerebrales pueden ocasionar una pérdida severa de memoria, o amnesia, que puede llevar a una persona a olvidar a sus seres queridos, incluso los más cercanos, como la pareja, los padres o los hijos. También es posible que la incapacite para sentir emociones, como el amor o la empatía. En definitiva, si bajo los efectos de un trastorno ce-

rebral importante una persona puede convertirse en otra muy diferente, podemos concluir que es en el cerebro donde reside la personalidad que nos define.

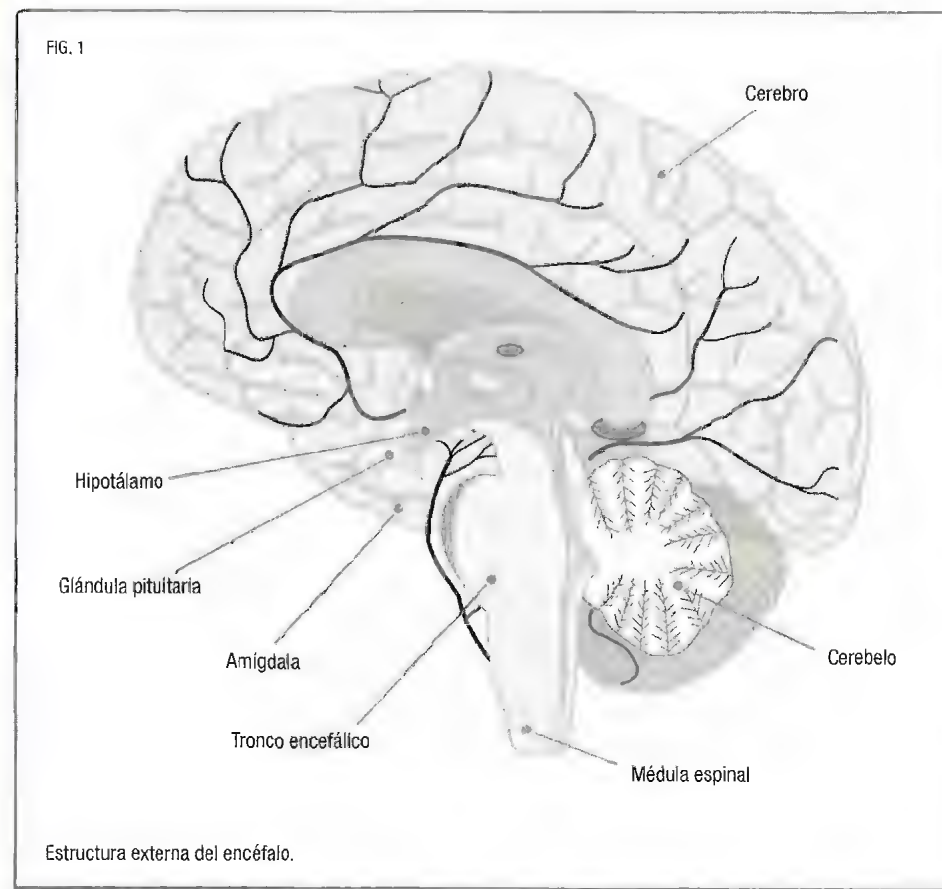
¿Pero cómo es posible que conceptos complejos e inmateriales como las emociones, los pensamientos o la memoria estén físicamente localizados en un órgano concreto? ¿Cómo funciona la conexión entre lo material, los tejidos que forman el cerebro, y lo conceptual, como es el propio pensamiento? Si fuésemos capaces de entender en profundidad cómo funciona esta relación, no habría limitación alguna que nos impidiese crear inteligencias artificiales tan potentes o incluso superiores a las naturales. No obstante, la respuesta a esta cuestión fundamental no es tan simple.

EL CEREBRO, LA PARTE MÁS GRANDE DEL ENCÉFALO

El encéfalo es nuestra auténtica unidad central de procesamiento, lo que equivaldría a la CPU en jerga informática, y el cerebro es solo una de sus partes. Toda la información de nuestro organismo llega al encéfalo por diferentes vías; allí es procesada y se toman las decisiones que se comunican al resto de nuestro organismo. Desde la más insignificante acción, como erizar el vello del brazo, hasta la elaboración más compleja y abstracta de un concepto filosófico. Los continuos avances en neurociencia han permitido la localización física de muchas de las tareas más importantes que realiza el encéfalo, aunque todavía es mucho lo que falta por descubrir.

El cerebro constituye el 85% del encéfalo. En él se localizan el pensamiento, la memoria y el control voluntario de los músculos. El cerebro está formado por dos mitades o hemisferios, uno a cada lado de la cabeza. Se estima que la mitad derecha se utiliza para las cuestiones creativas y artísticas, como la música, mientras que la parte izquierda es la que se utiliza para el razonamiento lógico, las matemáticas y el habla. Curiosamente, se sabe con certeza que la parte derecha del cerebro controla la parte izquierda del cuerpo y que la parte izquierda controla la derecha.

Le sigue en tamaño el cerebelo, ubicado en la parte posterior del encéfalo. El cerebelo procesa la información procedente de diversos órganos, como el cerebro y la médula espinal. En respuesta a estas informaciones, el cerebelo es el responsable de coordinar el movimiento de los músculos. Es el auténtico director de orquesta de nuestros movimientos más complejos. Otra de las partes esenciales del encéfalo (figura 1) es el denominado tronco encefálico, localizado debajo del cerebro y delante del cerebelo. Conecta el encéfalo con la médula espinal, que se localiza en el cuello y la espalda. En él convergen todas las infor-



maciones procedentes de las distintas partes de nuestro cuerpo. Además de actuar como centro de recepción de información, el tronco encefálico se ocupa de tareas vitales que no controlamos de forma consciente, como por ejemplo la respiración, la digestión o el control del corazón. Hay otros órganos en el encéfalo responsables de tareas fundamentales, como el hipotálamo, que se encarga de mantener la temperatura corporal, o la glándula pituitaria, que se ocupa de la regulación hormonal.

EL CORAZÓN, EN LA CABEZA

Sin lugar a dudas, todos estamos de acuerdo en que si algo nos hace humanos son nuestras emociones. El imaginario popular tradicionalmente ha localizado las grandes emociones en el corazón. Nada más lejos de la realidad. El corazón es esencialmente un órgano mecánico con la misión de bombear la sangre hacia el resto del cuerpo. El verdadero «corazón», desde un punto de vista emocional, se localiza en el encéfalo.

Cuando hablamos de emociones se hace necesario distinguir entre emociones negativas, como el miedo o la rabia, y las que podemos calificar de agradables o positivas, como la alegría o la felicidad. Ya sean de un tipo o de otro, toda emoción tiene dos componentes: hay una sensación interna, como la felicidad o el miedo, y una manifestación externa, como la risa o el llanto. Es interesante observar que estos dos componentes se pueden desacoplar. Por ejemplo, un buen actor puede simular las manifestaciones externas de una emoción, como el llanto, sin realmente sentirla. Esta posibilidad de separar las dos componentes parece indicar que pueden localizarse en regiones separadas del sistema nervioso.

Las emociones negativas desempeñan un papel fundamental, son mecanismos esenciales para la supervivencia. Por ejemplo, nos colocan en la situación adecuada para enfrentarnos a un enemigo o escapar de él. Son emociones que actúan de forma directa y a corto plazo. Ante un estímulo procedente del entorno, el sistema nervioso debe generar la respuesta en forma de emoción.

Determinar de qué tipo de emoción se trata es tarea de la amígdala cerebral, que es un órgano que recoge la información de la corteza cerebral y toma la decisión sobre si el estímulo recibido supone una amenaza o no. En caso de serlo, determina si la respuesta debe ser de miedo o de agresividad. Una vez tomada esta decisión induce en el cerebro la respuesta adecuada. En el caso de que sea necesario huir o enfrentarse físicamente a una agresión, aumentará el ritmo cardíaco y respiratorio para aportar más oxígeno a los músculos, y también la sudoración de la piel para compensar el calentamiento muscular que ese esfuerzo provocará. Se ha observado que los animales que tienen una lesión en la amígdala cerebral no tienen la capacidad de generar respuestas agresivas ni de sentir miedo.

Si bien el rol de las emociones negativas parece estar claro y su origen se localiza en la amígdala cerebral, la razón de ser de las emociones positivas no es tan evidente, ni se conoce con precisión su localización física. Parece ser que estas inducen respuestas de gran magnitud en el cerebro, ampliando sus capacidades a nivel cognitivo, potenciando la creatividad, la resiliencia, etc.

La emoción es la principal fuente de los procesos conscientes. No puede haber transformación de la oscuridad en luz ni de la apatía en movimiento sin emoción.

CARL G. JUNG

BUSCANDO EN EL BAÚL DE LOS RECUERDOS

Como ya hemos dicho, lo que nos define como personas es una compleja mezcla de diversos factores, unos genéticos o hereditarios y otros fruto de las experiencias vitales. Pero todo este bagaje vital que acumulamos a lo largo de los años no valdría para nada si no pudiéramos almacenarlo de alguna forma en lo que llamamos memoria. Un claro ejemplo de esto lo observamos en pacientes diagnosticados con alzhéimer, los cuales pierden la conciencia de sí mismos porque son incapaces de recordar.

Esta es uno de los interrogantes más fascinantes sobre el funcionamiento del cerebro. ¿Cómo consigue almacenar los recuerdos? Desentrañar este misterio abriría las puertas a un universo de posibilidades, desde entender y tratar enfermedades neurodegenerativas, como el propio alzhéimer, hasta aplicaciones más propias de la ciencia ficción, como alterar los recuerdos o implantar otros nuevos. ¿Hasta qué punto se podría revolver en el baúl de los recuerdos?

Generalmente se ha considerado que los recuerdos se almacenan en una región del cerebro denominada hipocampo. Una evidencia que apunta en este sentido es que, en el caso de pacientes con alzhéimer, el hipocampo es una de las primeras regiones que sufre daños, a la vez que aparecen los primeros síntomas de pérdidas de memoria y desorientación. Hay diversas situaciones en las que se pueden producir daños en el hipocampo, como la falta de oxígeno (hipoxia), la inflamación del encéfalo (encefalitis) o algunos tipos de epilepsia. Las lesiones en el hipocampo pueden generar una incapacidad para retener los recuerdos, la denominada amnesia, que popularmente asociamos a un golpe en la cabeza. Si una contusión daña el hipocampo, se puede experimentar una pérdida de memoria, aunque cualquier otra causa que dañe el hipocampo también puede producir los mismos efectos.

Sin embargo, recientes trabajos desarrollados en colaboración entre investigadores del Instituto Max Planck alemán y la Universidad Pablo de Olavide de Sevilla, parecen apuntar en otra dirección. Estos estudios, realizados en ratones, señalan que la localización de algunos de los recuerdos podría encontrarse de forma directa en la corteza motora del cerebro, ubicada en la parte frontal y no en el hipocampo. Y no solo eso, parece que determinado tipo de receptores presentes en las neuronas, los denominados receptores tipo NMDA, son esenciales para el aprendizaje y la memoria a largo plazo. Para comprobarlo, los investigadores bloquearon los receptores NMDA, a consecuencia de lo cual los ratones se mostraron incapaces de aprender cosas nuevas, como por ejemplo pulsar una palanca para obtener alimento, algo que pueden hacer sin dificultad en condiciones normales. Como vemos,

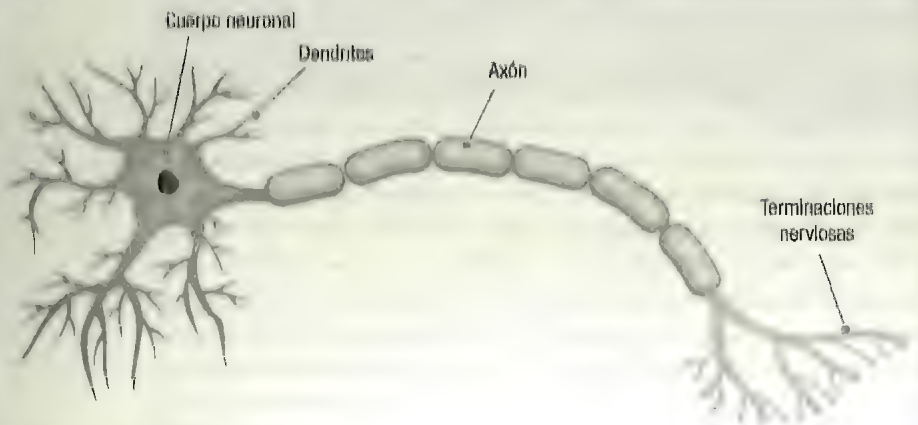
a medida que avanzan nuestros conocimientos sobre el cerebro, aparecen también nuevos interrogantes.

NATURALES O ARTIFICIALES, LOS CEREBROS SON PURAS REDES NEURONALES

La pieza fundamental sobre la que se sustenta la actividad de nuestro cerebro es la neurona. A principios del siglo xx, Santiago Ramón y Cajal describió por vez primera las neuronas como los componentes básicos del sistema nervioso, lo que le valió ser galardonado con el premio Nobel de Medicina en 1906. Básicamente, el célebre histólogo aragonés propuso que el funcionamiento del sistema nervioso se fundamentaba en la comunicación de unas neuronas con otras mediante una red de conexiones. Actualmente sabemos que esto es así. Se calcula que el cerebro humano contiene más de cien mil millones de neuronas. Se interconectan formando complejas redes de comunicación por las cuales se transmiten millones de señales a través de las conexiones neuronales, denominadas sinapsis. La mayor parte de las neuronas poseen una estructura de árbol llamada dendrita que recibe las señales de entrada que vienen de otras neuronas a través de las uniones sinápticas (figura 2).

Para hacernos una idea de la enorme complejidad y capacidad de computación de las redes neuronales naturales, basta considerar que se estima que cada neurona recibe información de más de mil neuronas y que, a su vez, se comunica con otras tantas. A través de estas conexiones viajan los impulsos nerviosos. Las neuronas responden a los estímulos a una velocidad mil veces más rápida que los circuitos electrónicos de los actuales ordenadores. Estamos hablando de un sistema que funciona mil veces más rápido que un ordenador y con una conectividad miles de veces superior. Las redes neuronales constituyen auténticos supercomputadores por los cuales viajan millones de señales de información.

La información que procesa nuestro cerebro está codificada en forma de impulsos nerviosos. Estos impulsos se inician con



Estructura general de una neurona.

la liberación de una señal química, los llamados neurotransmisores. Si su concentración supera un determinado umbral de activación se genera una corriente eléctrica en la membrana de la neurona. Este impulso nervioso viaja en forma de corriente eléctrica por el denominado axón, una prolongación de la neurona que, a modo de cable, la conecta con otras neuronas. Cuando el impulso llega al final del axón, donde están las terminaciones nerviosas, provoca la secreción de más neurotransmisores, que pueden inducir la generación de un nuevo impulso nervioso en la siguiente neurona, continuando así la transmisión de la señal.

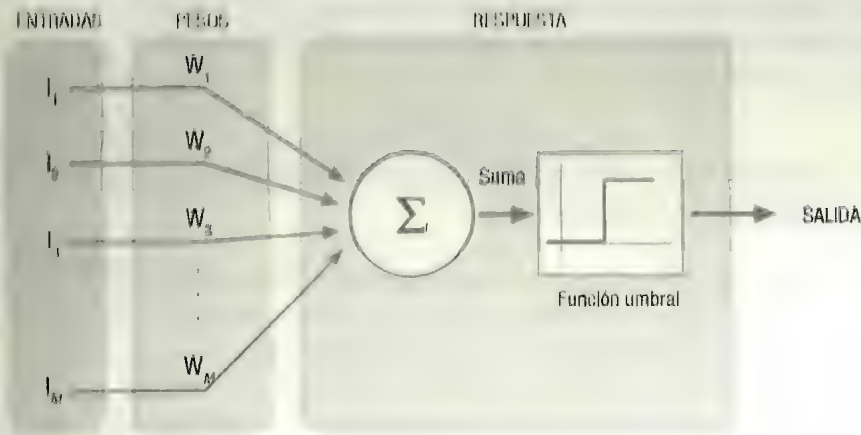
Sin embargo, pese a saber cómo funcionan las neuronas y la transmisión de los impulsos nerviosos, aún nos falta entender qué relación tienen con determinadas actividades fundamentales del cerebro, como el aprendizaje y la memoria. Dicho con otras palabras, queda por descubrir cómo se codifica y almacena la información en el cerebro a base de impulsos nerviosos. Si lo pensamos con calma, en el fondo la lógica de funcionamiento no parece tan complicada. Las neuronas actúan como conmutadores, pudiendo estar en el estado activo o inactivo. En función

de las señales que reciben, pueden cambiar de estado y enviar, a su vez, nuevas señales a otras neuronas. Ciertamente esto no es todo, únicamente es una parte del funcionamiento del cerebro, pero como veremos a continuación, tan solo con esto es mucho lo que se puede hacer.

REDES NEURONALES ARTIFICIALES: CEREBROS DE JUGUETE PARA ENTENDER EL CEREBRO REAL

Sin duda alguna no hay mejor forma de entender cómo funciona algo que intentando construirlo. Este fue el principio enunciado por el famoso físico Richard Feynman en su célebre frase «lo que no puedo crear, no lo puedo entender» y es, de alguna manera, lo que persiguieron en sus inicios los creadores de las denominadas redes neuronales artificiales. Conseguir diseñar y construir máquinas capaces de realizar procesos con cierta inteligencia ha sido uno de los grandes objetivos de los científicos a lo largo de la historia. Los primeros esfuerzos orientados a la construcción de máquinas inteligentes tuvieron como objetivo crear autómatas que fuesen capaces de realizar tareas propias de los humanos. Hoy en día la llamada inteligencia artificial (IA) abarca campos mucho más amplios con resultados sorprendentes.

Las bases de todo esto se remontan a la primera mitad del siglo xx. En 1943 los neurólogos estadounidenses Warren McCulloch y Walter Pitts crearon los primeros modelos matemáticos que intentaban reproducir el comportamiento global de las redes neuronales biológicas (figura 3). Básicamente, el modelo considera que una neurona recibe una serie de M señales I_1, I_2, \dots, I_M , que pueden proceder del exterior o de otras neuronas de la propia red. Dependiendo de la combinación concreta de estímulos de entrada que se reciba en cada momento, la neurona puede activarse o no, generando una nueva señal de salida que se propagará a otras neuronas. Sin embargo, no todas las señales tienen la misma importancia a la hora de activar la neurona. Por ello, en el modelo de McCulloch y Pitts cada una de estas señales de entrada I_i viene modulada por un factor multiplicativo o



Modelo neuronal de McCulloch y Pitts. Una neurona recibe una serie de M señales diferentes, procedentes del mundo exterior o de otras neuronas. Estas señales llegan por las conexiones sinápticas y se ven afectadas, de forma multiplicativa, por unos pesos W . Dependiendo de si la suma de los productos de las señales por sus pesos W es mayor o no que un valor umbral b , la neurona pasa al estado activo o permanece en el estado inactivo.

peso sináptico W_i . Cuanto mayor sea este factor, más importante será esa señal respecto a las demás. Estos pesos pueden ser cero, indicando que la señal no es detectada por la neurona, o incluso negativos, indicando que son señales que, en lugar de activar la neurona, intentan reprimirla. La neurona integra todas las señales recibidas y moduladas por sus pesos de acuerdo con la siguiente relación:

$$\text{Señal total} = W_1 \cdot I_1 + W_2 \cdot I_2 + \dots + W_M \cdot I_M$$

Si esta suma, que corresponde a la señal total detectada, es mayor que un determinado valor b característico de cada neurona, denominado «umbral de activación», entonces la neurona

pasará al estado activado y su señal de salida será mayor que 0. En caso contrario, la señal de salida será 0.

Como puede verse de forma inmediata, este modelo matemático intenta reproducir, de un modo global, el comportamiento de las neuronas biológicas que hemos descrito anteriormente. Los estímulos I_i corresponden a los neurotransmisores que detecta una neurona a través de sus diferentes conexiones sinápticas y el parámetro b se corresponde con el umbral de activación propio de las neuronas biológicas. De acuerdo con los valores específicos de los parámetros W_i y b , se pueden reproducir diferentes tipos de respuesta. ¿Hasta dónde podríamos llegar con un modelo tan simple? Analicemos uno de los escenarios más interesantes.

Uno de los rasgos más notables de nuestro cerebro es la capacidad para reconocer patrones en aquello que observamos. Por patrones entendemos la existencia de ciertas regularidades o rasgos comunes en diferentes observaciones. A medida que nos desarrollamos vamos recibiendo un continuo de información a través de nuestros sentidos. Esta información, de alguna forma, queda almacenada en nuestro cerebro de manera que posteriormente nos permita reconocer aquello que hemos visto con anterioridad. Pero no solo eso: nuestro cerebro puede ir más allá y, gracias a la información previamente almacenada, podemos reconocer cosas que no hemos visto nunca. Por poner un ejemplo sencillo, ¿cómo somos capaces de distinguir a un hombre de una mujer simplemente observando su rostro? Es evidente que si se trata de una persona conocida, inmediatamente recordaremos su sexo, pero si nunca la hemos visto también lo podremos hacer. Esto es posible gracias a que, durante nuestro aprendizaje, el cerebro aprende a reconocer no solo la cara concreta sino también ciertos patrones en los rasgos faciales propios de cada sexo. Al ver una imagen de un rostro por primera vez, nuestro cerebro es capaz de identificar estos patrones, como la forma de los labios o de los pómulos, lo que nos permite clasificar ese rostro como hombre o mujer. Es interesante observar que cuando se trata de bebés o niños muy pequeños, donde los patrones de los rasgos faciales aún no son del todo claros, es más fácil equi

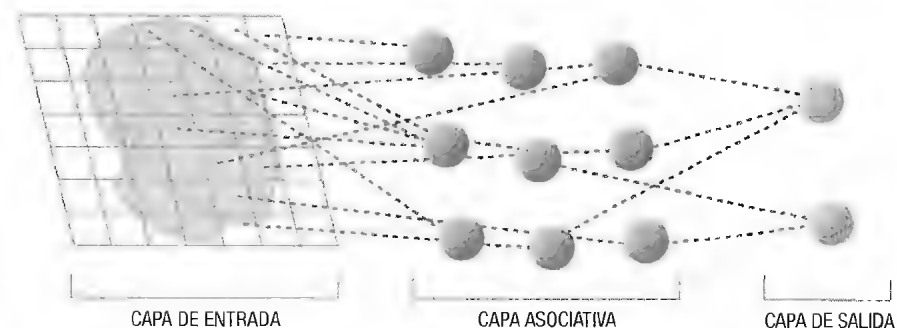
vueuse de sexo. ¿Quién no ha hecho alguna vez el comentario de qué guapo es un niño recién nacido y la madre ha replicado que se trata de una niña? Esta capacidad de reconocer patrones va más allá de una simple memoria y, *a priori*, podría pensarse que se trata de un proceso cerebral altamente complejo. Sin embargo, con el modelo simple de neurona de McCulloch y Pitts es posible construir un sistema que reconozca patrones, igual que lo hace nuestro cerebro. Para ello hay que crear un sistema formado por múltiples neuronas interconectadas, una red neuronal artificial, que será capaz de reconocer patrones como los del rostro y clasificarlos de acuerdo con unos criterios previamente aprendidos. Esto es algo realmente sorprendente dada la simplicidad del modelo. De la misma forma que el cerebro biológico, estas redes neuronales artificiales programadas en un ordenador deben ser capaces de reconocer los patrones. Esta fase de aprendizaje consiste en introducir en la red neuronal un número suficientemente alto de información de entrada, por ejemplo imágenes digitalizadas de rostros, y a la vez, indicar a la red qué tipo de elemento es dentro de esa clasificación en concreto, por ejemplo hombre o mujer. Estamos hablando de que la red sigue un método de instrucción supervisado, igual que un niño asimila información de la mano de su maestro. Tras este periodo desarrollado bajo control, la red neuronal está preparada para trabajar sola, sin un supervisor que la entrene. En la fase de trabajo autónomo, al introducir la imagen de un rostro, estas redes no solo son capaces de decirnos si se trata de un hombre o una mujer de entre los rostros que ya observó durante su aprendizaje, sino que, incluso frente a la imagen de un rostro que nunca se había mostrado a la red con anterioridad, también nos indicará su sexo.

Para conseguir estos sorprendentes resultados a partir de estos modelos simples de comportamiento neuronal, en 1949 el canadiense Donald Hebb, considerado padre de la biopsicología, formuló la denominada «regla de Hebb», o regla del aprendizaje neuronal, basada en sus estudios con neuronas reales. La aplicación de esta regla permite a las redes neuronales aprender a reconocer determinados patrones basándose en la modificación adecuada de los pesos sinápticos. Más formalmente, la regla de Hebb

puede formularse del modo siguiente: «Una sinapsis aumenta en eficacia (peso sináptico) si las dos neuronas conectadas por ella tienden a estar activas o inactivas simultáneamente. En caso contrario, la fuerza de conexión (peso sináptico) se atenuará».

Una de las redes más simples pero eficientes que muestra capacidad de aprendizaje basado en la regla de Hebb es la red neuronal denominada *perceptrón* (figura 4). La primera capa de su estructura es la capa de entrada, por donde llegan las señales que la red debe identificar. La segunda es la capa intermedia o asociativa, que conecta la capa de entrada con la tercera y última capa, la de salida, donde se muestra la respuesta de la red. Las conexiones entre las neuronas de la capa de entrada y las de la capa asociativa son fijas y no se modifican durante el periodo de aprendizaje. Por el contrario, los pesos sinápticos W entre las neuronas asociativas y las de salida se modifican durante el aprendizaje de acuerdo con la regla de Hebb. Cada vez que se presenta un cierto patrón en la capa de entrada, cada una de las neuronas j de la capa de salida adopta un estado O_j , que puede ser cero o uno. Siguiendo con nuestro ejemplo, si deseamos que

FIG. 4



Esquema de una red neuronal artificial. La capa de entrada transmite las señales del mundo exterior a la denominada capa asociativa. En esta capa asociativa se activan algunas de sus neuronas en función de la información recibida. Las neuronas asociativas, a su vez, transmiten la información a la capa final o de salida, donde leemos la respuesta de la red. Esta transmisión de información de una capa a la siguiente está modulada por los pesos de las sinapsis, que es donde realmente reside la memoria e inteligencia de la red.

FORMULACIÓN MATEMÁTICA DE LA REGLA DE HEBB

Es posible que una red neuronal que aprenda a reconocer patrones de entrada de una clase de objetos, aprenda a reconocer otros patrones de la misma clase, tal como la red de la figura 10.10, que tiene una estructura de conexión idéntica a la de la red de la figura 10.9. Dicho de otra forma, para que una red aprenda es necesario tener a los valores adecuados de estos pesos. En consecuencia, el proceso de aprendizaje lleva asociado un proceso de adaptación modificando los valores de los pesos sinápticos. Exactamente igual que ocurre en el cerebro biológico. Si consideramos que la conexión entre dos neuronas, la i y la j , viene modelada por un peso sináptico W_{ij} , este valor debe modificarse en una cantidad ΔW_{ij} para conseguir que la red adquiera más conocimientos. Es decir que, tras un proceso de aprendizaje, tendremos que:

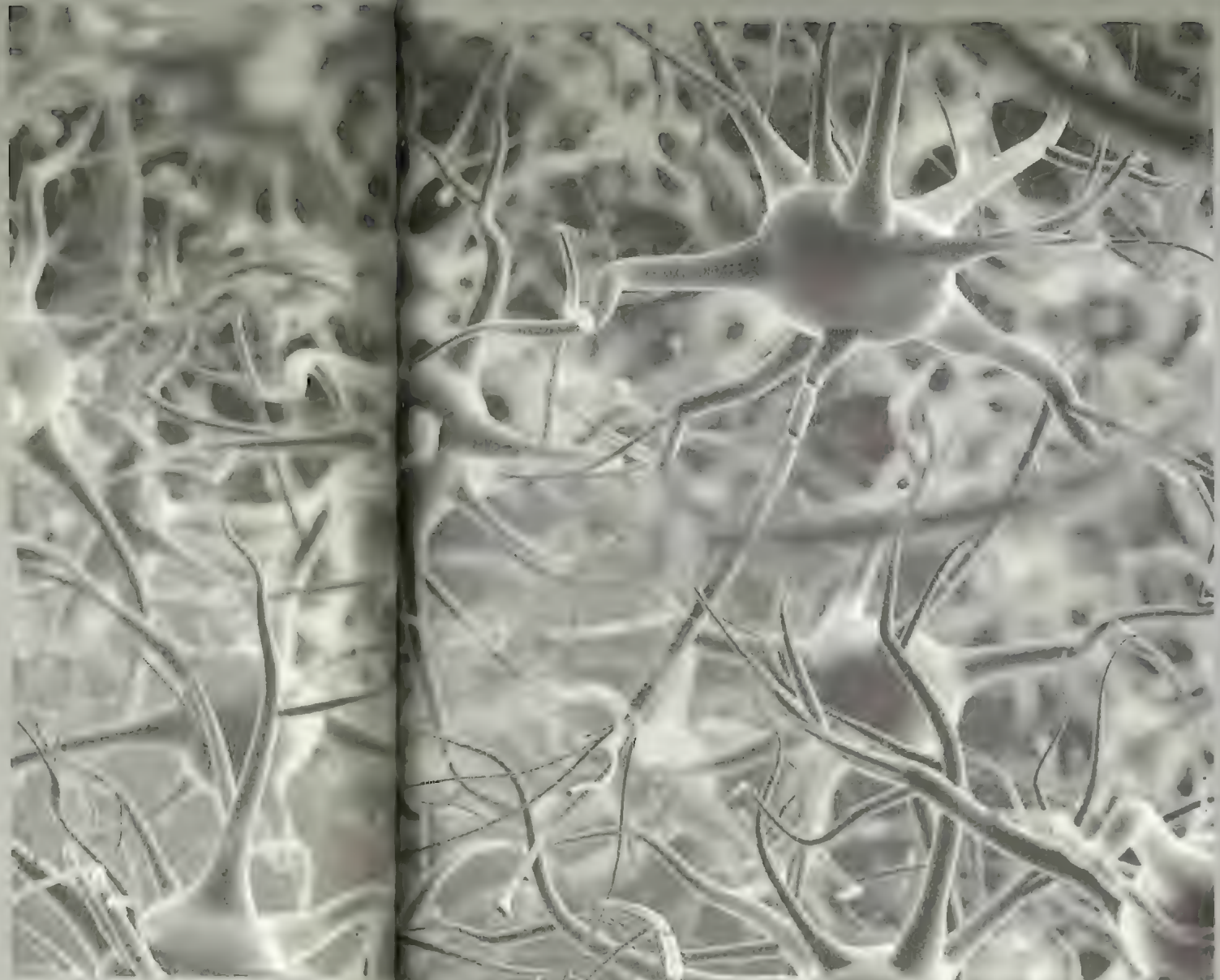
$$W_{ij}(\text{nuevo}) = W_{ij}(\text{anterior}) + \Delta W_{ij}.$$

La regla de Hebb establece que la variación del peso sináptico ΔW_{ij} se calcula de acuerdo con:

$$\Delta W_{ij} = \mu (P_j - O_j) O_i.$$

Aquí μ se conoce como tasa de aprendizaje, y nos da una idea de lo rápido que la red neuronal aprende, es decir, el estado de la neurona i de la capa asociativa, considerando que O_j es el estado que la red induce en la neurona j de la capa de salida. Por su parte, P_j es el estado que sería correcto en la neurona j de la capa de salida. Como vemos, los pesos se modifican de forma proporcional a la diferencia entre lo que lo que la red debería haber aprendido, P_j , y lo que realmente induce en cada momento, O_j . Una vez el aprendizaje de Hebb completado tendremos que $O_j = P_j$, y, por lo tanto, los pesos W_{ij} ya no se modificarán.

Ilustración artística de una red neuronal biológica.



el perceptrón determina el sexo de una persona a partir de una foto de su rostro, la capa de entrada será una estructura bidimensional donde se introducirán los píxeles de la imagen digitalizada, y la capa de salida deberá tener dos neuronas, la O_1 , que se activará en caso de que se trate de un hombre, y la O_2 , que se activará en caso de ser una mujer. Durante el proceso de aprendizaje supervisado se irían presentando una tras otra una colección de imágenes de rostros. Para cada una de ellas la red generará una respuesta, por ejemplo: $O_1=1$ y $O_2=0$, en caso de que la red considere que la imagen corresponde a un hombre, o: $O_1=0$ y $O_2=1$, en caso de que crea que es una mujer. Si la respuesta que genera la red es correcta se procederá con la siguiente imagen, pero en caso de respuesta errónea se deben modificar los pesos de las conexiones sinápticas de acuerdo con la regla de Hebb. A nivel práctico esto significa que cada peso W_{ij} que corresponde a la conexión de la neurona i de la capa asociativa con la neurona j de la capa de salida debe modificarse de forma proporcional a la diferencia entre la salida que se desea que produzca la red y la que se está obteniendo realmente en ese momento.

Tras un entrenamiento de la red suficientemente largo, la red tendrá unos pesos ajustados para trabajar sola en el reconocimiento de patrones. Ciertamente, esta red perceptrón es muy simple y solo juega con los pesos de conexión de dos capas, lo que le confiere una capacidad de aprendizaje limitada. Actualmente, se han desarrollado multitud de modelos de redes neuronales mucho más eficientes y complejas, como las redes denominadas *Backpropagation*, redes ADALINE, redes competitivas, recurrentes y un largo etcétera. El ámbito de aplicación de las redes neuronales artificiales es muy amplio y comprende el reconocimiento facial y el reconocimiento de textos manuscritos o del habla, por citar solo algunos ejemplos.

Resulta notable que incluso de un modelo tan simple como el perceptrón se puedan extraer conclusiones tan interesantes. Por un lado, vemos que la memoria y la capacidad de aprendizaje y reconocimiento no se localizan en las neuronas propiamente dichas, sino en los pesos de sus sinapsis. Las evidencias experimentales indican que el cerebro biológico también trabaja de

este modo, modificando las conexiones neuronales a medida que aprende. De hecho, esta idea ya fue apuntada en su día por el propio Santiago Ramón y Cajal. Hoy sabemos que el cerebro no es un órgano con una arquitectura fija, sino que es extremadamente plástico y que las conexiones neuronales van modificándose a medida que este aprende a lo largo de nuestra vida. El aprendizaje implica un «recableado» neuronal continuo en nuestro cerebro. Seguramente, estas redes neuronales artificiales, por simples que parezcan, no están tan lejos de la realidad biológica.

La segunda conclusión importante que se desprende es que realmente es posible crear sistemas artificiales que muestren algunas de las características de lo que denominamos inteligencia. Estamos hablando de la creación de inteligencias artificiales o IA. Sin embargo, el concepto de inteligencia artificial va mucho más allá de las redes neuronales y su capacidad para reconocer patrones. A diferencia de la psicología y de la filosofía, que también tienen campos de investigación centrados en el estudio de la inteligencia, el estudio y desarrollo de la IA está encaminado tanto a la construcción de «entidades no vivas» como a incrementar nuestro conocimiento sobre nuestra propia inteligencia. El estudio de la IA aumentará nuestro conocimiento sobre cómo funciona nuestra propia inteligencia. Sin duda el futuro cercano nos deparará grandes avances en este campo que, hasta la fecha, solo los autores de ciencia ficción se han atrevido a imaginar.

- ARAÚJO, L. y CERVIGON, C., *Algoritmos evolutivos: un enfoque práctico*, Madrid, Ra-Ma Editorial, 2009.
- BASCOMPTE, J. y LUQUE, B., *Evolución y complejidad*, Valencia, Publicacions de la Universitat de València, colección Sin Fronteras, 2012.
- DE LEÓN, M., *Rompiendo códigos. Vida y legado de Turing*, Madrid, CSIC/Los Libros de La Catarata, 2014.
- EARLS, J., *Introducción a la teoría de sistemas complejos*, Lima, Fondo Editorial PUCP, 2012.
- GLEICK, J., *La creación de una ciencia*, Barcelona, Editorial Crítica, 2012.
- LARSON, E., *La asombrosa historia de una teoría científica*, Madrid, Debate, 2006.
- LÉVY, P., *Inteligencia colectiva: por una antropología del ciberespacio* (edición on-line), París, La Découverte (Essais), 2004.
- LUISI, P.L., *La vida emergente: de los orígenes químicos a la biología sintética*, Barcelona, Tusquets Editores, 2010.
- ORDÓÑEZ, C., *Redes neuronales artificiales. Fundamentos, modelos y aplicaciones*, Madrid, Ra-Ma Editorial, 1995.
- PINO, R., GÓMEZ, A. y DE ABAJO, N., *Introducción a la inteligencia*

artificial: sistemas expertos, redes neuronales artificiales y computación evolutiva, Oviedo, Servicio de publicaciones de la Universidad de Oviedo, 2001.

SOLE, R., *Vidas sintéticas: una aproximación revolucionaria a la ciencia, la historia y la mente*, Barcelona, Tusquets Editores, 2012.

—: *Redes complejas. Del genoma a Internet*, Barcelona, Tusquets Editores, 2009.

INDICE

- adaptación al medio 96
- ADN 12, 52, 100, 102, 116, 117
- alfombra de Sierpiński 22, 23
- algoritmo evolutivo 106-108, 110
- amígdala cerebral 139
- ancestro común 98
- arbusto de tigre 62, 63, 65, 68
- aproximación
 - de abajo arriba véase *bottom-up*, aproximación
 - de arriba abajo véase *top-down*, aproximación
- arista 33, 86, 88
- ARN 102
- ARPAnet 20
- autocatálisis 66
- autoorganización 18-20
- autosimilaridad 21, 22, 25, 27
- axón 142
- biología sintética 9, 12, 114, 120, 125, 127, 129, 131
- bottom-up*, aproximación 118
- box-counting* 26, 27
- catástrofe de error 110
- células
 - de combustible microbianas (véase *Microbial Fuel Cell*)
 - germinales 100
 - madre 54, 70
- cerebelo 137
- cerebro 11, 12, 17, 34, 133, 135-137, 139-143, 145, 146, 148, 150, 151
- circuito genético 121-124
- circuitos multicelulares 128
- componente conexa 37, 38
- condiciones de contorno 67, 68
- copo de nieve de Koch 22, 23, 27
- curva de Koch 27
- dendrita 141, 142
- deriva genética 97

diferenciación celular 70
 difusión 45, 55-58, 60-62, 64-66,
 68, 71
 dimensión
 fractal 26
 métrica 21

 embriogénesis 54
 emergencia 11, 18, 19, 76
 encéfalo 136-138, 140
 enlace preferencial 48
 evolución 9, 11, 20, 35, 52, 91, 93,
 94, 96-98, 100-102, 104-109,
 114, 124-126, 129 (*véase*
también teoría de la
 evolución)

 feromona 78-82, 85-88
 fractal 21-23, 25-27

 genoma 100, 108, 113
 geometría euclídea 26
 glándula pituitaria 137, 138
 gradiente 54
 grado de conectividad 37

 hipocampo 140
 hipotálamo 137, 138

 información posicional 54
 insecto social 9, 76, 77, 81, 82, 85
 inteligencia artificial 88, 133, 143,
 151
 invariancia de escala 27

 ley de conservación de la materia
 58

 médula espinal 137
 memoria 133, 135, 136, 139, 140,
 142, 146, 147, 150

Microbial Fuel Cell (MFC) 129,
 130
 modelo
 de celda autómatas 28
 matemático 24, 28, 145
 morfogénesis 49, 51, 56, 57, 60,
 67, 70
 morfógeno 54-58, 60, 62, 64, 66,
 67, 70
 mundo
 de ARN 102
 pequeño 38, 40, 43, 45, 85

 neurona 17, 34, 133, 140-148, 150,
 151
 neurotransmisores 142, 145
 nodo 20, 33, 34, 36-38, 43, 45, 47,
 48

 paradigma reduccionista 17
 patrones 15, 18, 35, 52, 53, 56, 58,
 61, 62, 67-69, 145-147, 150, 151
 perceptrón 147, 150
 problema del cableado 125
 proteína reporter 122, 123
 protocélula 118-120
 protogenoma 120

 reacción-difusión, sistemas de
 56, 58, 60, 65, 66
 red
 compleja 43, 113
 neuronal 146-148
 redes
 aleatorias 36-39, 43, 45-48
 libres de escala 46-48
 reduccionismo 17

 selección
 dirigida 104
 natural 96, 97, 101, 104, 105

sinapsis 141, 147, 150
 sistema
 complejo 9, 16, 17, 23, 24, 28,
 30, 33, 34, 36
 complicado 9, 16
 dinámico 28, 29, 30
small world 38, 85 (*véase*
también mundo pequeño)

 teoría
 creacionista 95, 102

de la evolución 91, 93-99, 102,
 105
 panspérmica 102
top-down, aproximación 118,
 120

wiring problem véase problema
 del cableado
World Wide Web 44

De la simplicidad a la complejidad

¿Cuáles son las leyes que rigen la naturaleza que nos rodea? Esta es la pregunta que ha ocupado a las mentes más brillantes a lo largo de nuestra historia. Hoy sabemos que muchas de esas leyes son sorprendentemente simples pese a la enorme complejidad que muestran los sistemas que gobiernan. Comprender estas leyes no solo aumenta nuestro conocimiento sino que nos permite avanzar en el desarrollo de nuevas tecnologías que hasta hace poco eran más propias de la ciencia ficción. Desde la compleja evolución de los organismos hasta la fascinante creación de inteligencias artificiales, todo se caracteriza por la compleja elegancia de la sencillez.

Javier Macía Santamaría es físico, profesor de Ingeniería Biomédica en la Universidad Pompeu Fabra e investigador del Parque de Investigaciones Biomédicas de Barcelona (PRBB).